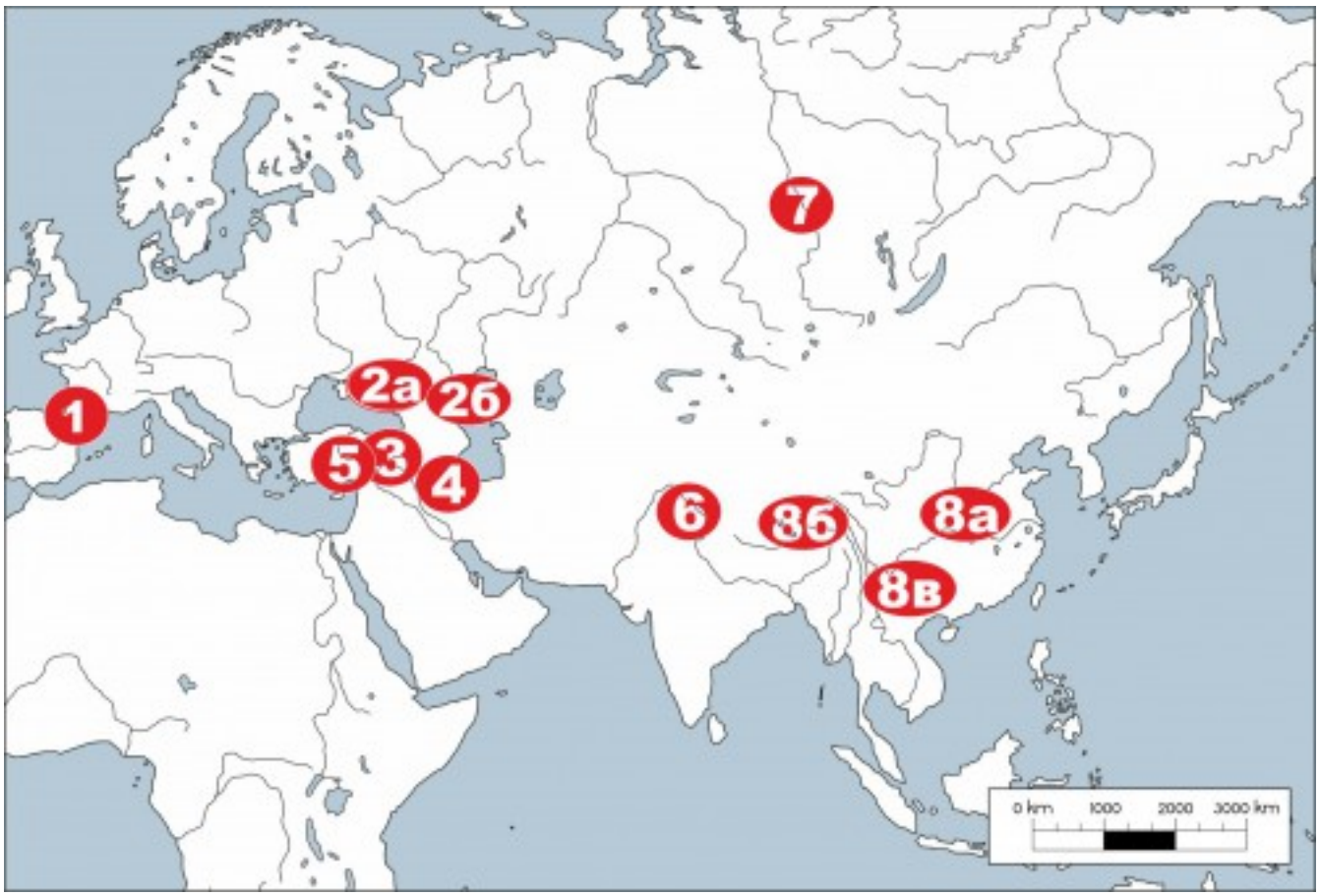
# Восточноевразийская гипотеза дене-кавказской прародины в свете данных геногеографии: попытка синтеза

Алексей Романчук

**Введение**.

Гипотеза сино-кавказской языковой макросемьи была аргументирована С. А. Старостиным уже более тридцати лет назад. И примерно в это же время С. Л. Николаев предложил включать в нее и языки на-дене. За истекшее время эта гипотеза была подвергнута весьма пристрастному обсуждению, и, при всех еще существующих сложностях и разногласиях, полагаю, выдержала эту проверку.

На сегодняшний день к дене-кавказской языковой общности принято относить северокавказские, сино-тибетские, енисейские, баскский, бурушаски и на-дене языки. Кроме того, к ней относят и ряд древних, исчезнувших языков Передней Азии: хурритский, урартский и хаттский (карта 1).[1]




Карта 1. Распространение дене-кавказских языков в Евразии. 1- Баскский; 2 — Северокавказские языки: 2а — нахско-дагестанские, 2б — абхазо-адыгские; 3 -хурритский; 4 — урартский; 5 — хаттский; 6 — бурушаски; 7 — енисейские (кетский); 8 — сино-тибетские: 8а — китайский, 8б- тибетский, 8в — тибето-бирманские.

Чрезвычайно важным вопросом, и не только с точки зрения лингвистики, является вопрос о прародине дене-кавказской общности. Изначально С. А. Старостин предложил, и эта точка зрения по сей день является доминирующей, локализацию этой прародины в Передней Азии.

Однако уже сравнительно давно, в ряде работ (Романчук 2008; 2009; 2009а; 2012; 2013; Романчук, Пантелеева 2009), мной были высказаны и обоснованы сомнения в возможности локализовать сино-кавказскую (соответственно – и дене-кавказскую) прародину в Передней Азии. И была сформулирована гипотеза, согласно которой прародина сино-кавказцев располагалась в

восточной части Евразии (в последнем уточнении (Романчук 2012: 322-327) – в ареале т.н. «сибиро-китайского позднего верхнего палеолита»).[2]

Об обоснованности предложенной мной гипотезы, безусловно, судить другим исследователям. Однако, как представляется, и данные геногеографии, именно — результаты проведенных за последние полтора десятка лет исследований гаплогрупп Y-хромосомы, явно согласуются с восточноевразийской гипотезой прародины дене-кавказцев (Романчук, Семенов 2014; 2015; Романчук 2015).

Здесь я хотел бы представить в самой сжатой форме основные выводы недавно вышедшей монографии (Романчук 2015) – акцентируя внимание на некоторых из них.

**1. Дене-кавказские языки и синтаксическая модель “Object-Verb”.**

Но прежде, чем перейти к данным геногеографии, я хотел бы уделить внимание еще одной интересной и важной лингвистической проблеме (тем более, что это будет иметь существенное значение для нижеследующего обсуждения данных геногеографии). А именно, феномену выявляемых лингвистами в Евразии макроареалов двух синтаксических моделей. То есть: абсолютно доминирующей в Восточной Евразии модели “Object-Verb”, и обратной ей, доминирующей в Западной Евразии и прежде всего в Передней Азии – модели “Verb-Object”.

> Модель “Object-Verb” предполагает для данного языка такой доминирующий устойчивый порядок слов в предложении, когда дополнение (“Object”) — предшествует сказуемому (“Verb”). А модель “Verb-Object” – соответственно, наоборот.

Как можно видеть, дене-кавказские языки почти исключительно принадлежат к «восточноевразийской» модели “Object-Verb” (Романчук 2015: 19-37). А немногие исключения (китайский, карен, бай), хотя и относятся к модели “Verb-Object”, но при этом демонстрируют весьма нетипичные для нее характеристики (Dryer 2003: 48-50; Guillaume, Aimée 2005: 133). Поэтому, по всей видимости, следует предположить, что пра-сино-тибетский язык тоже относился к модели “Object-Verb”. Или, как выразился Р. Ла Полла: «From the fact that we can clearly see changes in the word order of these three languages over time, and cannot see such changes in the Tibeto-Burman languages other than Bai and Karen, we assume that it was Bai, Karen, and Chinese that changed rather than all the other Tibeto-Burman languages» (La Polla 2003: 28). То есть: «из того факта, что мы можем ясно наблюдать изменения в порядке слов в этих трех языках, и не наблюдаем таких изменений в тибето-бирманских языках, кроме бай и карен, мы предполагаем, что, скорее, это именно бай, карен и китайский языки изменились – нежели все прочие тибето-бирманские».

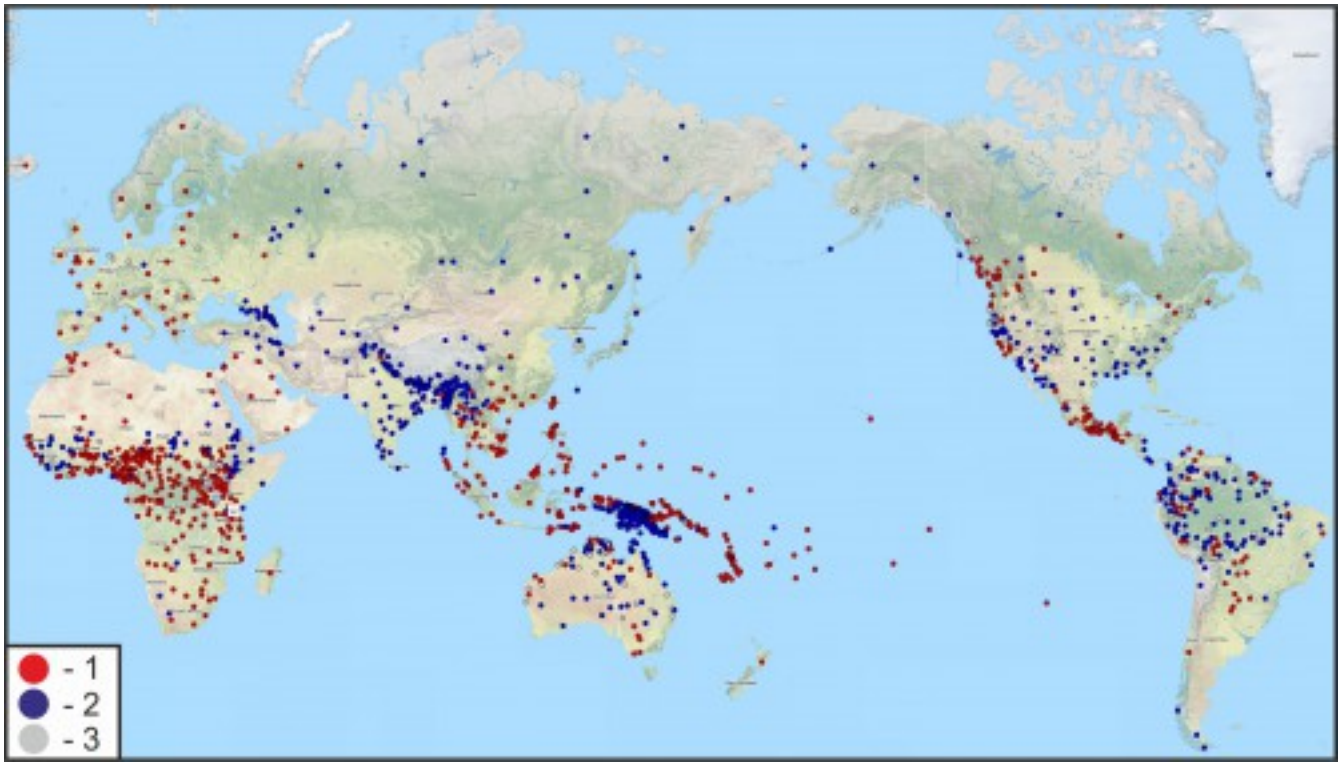
Существенно, что в том числе резко выраженными, «строгими» представителями модели “Object-Verb” являются и северокавказские языки. Также к этой модели в целом относились родственные северокавказским вымершие языки Передней Азии – хурритские, урартский, хаттский.

Напротив, для пра-афразийского языка и подавляющего большинства древних и современных афразийских языков оказалась характерна модель “Verb-Object”.

Важно также, что параметр “Object-Verb”\“Verb-Object” – хотя и ключевой, но не единственный, очерчивающий эту закономерность. Напротив, это лишь один из комплекса синтаксических параметров, согласованно рисующих два макроареала, которые условно можно обозначить как «восточноевразийский» и «западноевразийский». Дене-кавказские языки, и в том числе северокавказские, по этому комплексу демонстрируют ярко выраженную принадлежность именно к «восточноевразийскому» ареалу.

В частности, особенно выразительно это показывает обращение к параметру «порядок придаточного определительного предложения и определяемого существительного» (Relative clause and Noun) (Dryer 2013a). Дене-кавказские языки, и в том числе и северокавказские, и сино-тибетские (включая китайский), принадлежат к существенно более узко распространенной, и демонстрирующей еще более отчетливую приверженность к Восточной Евразии модели RelN (Relative clause + Noun). То есть – модели «придаточное определительное предложение предшествует определяемому существительному».

*Таким образом, речь идет о весьма фундаментальной закономерности, а формирование этих макроареалов, очевидно, относится к глубокой древности, И северокавказские языки, как и в целом дене-кавказские, демонстрируют принадлежность именно к «восточноевразийскому» ареалу, ареалу модели “Object-Verb” и* “Relative clause + Noun”.



Карта 2. Распространение синтаксических моделей “Object-Verb” и “Verb-Object” среди языков мира (по: Dryer 2013). 1 – языки, для которых характерна модель “Verb-Object”; 2 — языки, для которых характерна модель “Object-Verb”; 3 – языки без доминирующей модели.

**2. Первоначальное проникновение гаплогруппы R в Западную Евразию и проблема исходной языковой атрибуции ее носителей.**

**2.1 Гаплогруппы P, Q и R и Восточная Евразия**.

Переходя к анализу данных геногеографии, отмечу прежде, что вообще вопрос о соотношении языковых общностей и носителей определенных гаплогрупп не допускает их прямолинейного отождествления (Balanovsky, Utevska, Balanovska 2013). Это необходимо оговорить, поскольку сегодня в околонаучной среде популярны «гипотезы», весьма вольно трактующие эту проблему, и, путая понятия лингвистики и биологии, легко отождествляющие носителей той или иной гаплогруппы то с «ариями», то с «индоевропейцами», то еще с кем-либо.

Вместе с тем, очевидно, что изначально новая гаплогруппа (как вообще результат единичного, случайного события) связана не просто с конкретной этноязыковой общностью, но и конкретным индивидуумом. И лишь позже, в ходе своего распространения, она может выйти за пределы первичной этноязыковой общности — в итоге, не исключено, даже и вообще потеряв с ней всякую связь (подчеркну).

Сделав эти необходимые пояснения, приступим к главному.

Итак, отправной точкой этого исследования стало то, что согласно современным выводам генетиков, гаплогруппа P, а также ее потомки — гаплогруппы Q и R, возникают в Восточной Евразии в верхнем палеолите (Malyarchuk, Derenko et al. 2011; Karafet, Mendez et al. 2015). Причем эти выводы, вне связи с теоретическими представлениями генетиков, получают сегодня надежное независимое подкрепление. Поскольку древнейшие ископаемые образцы гаплогруппы R были обнаружены именно в Восточной (точнее, на стыке Восточной и Западной; или, как сейчас иногда определяют этот регион, Средней) Сибири. И как раз на поздневерхнепалеолитической стоянке Мальта (порядка 24 ТЛН) (Raghavan et al. 2014; Козинцев 2014; Дробышевский 2014). Близость к геному Мальты демонстрирует и геном индивида из расположенной в этом же регионе стоянки Афонтова гора II (порядка 17 ТЛН).

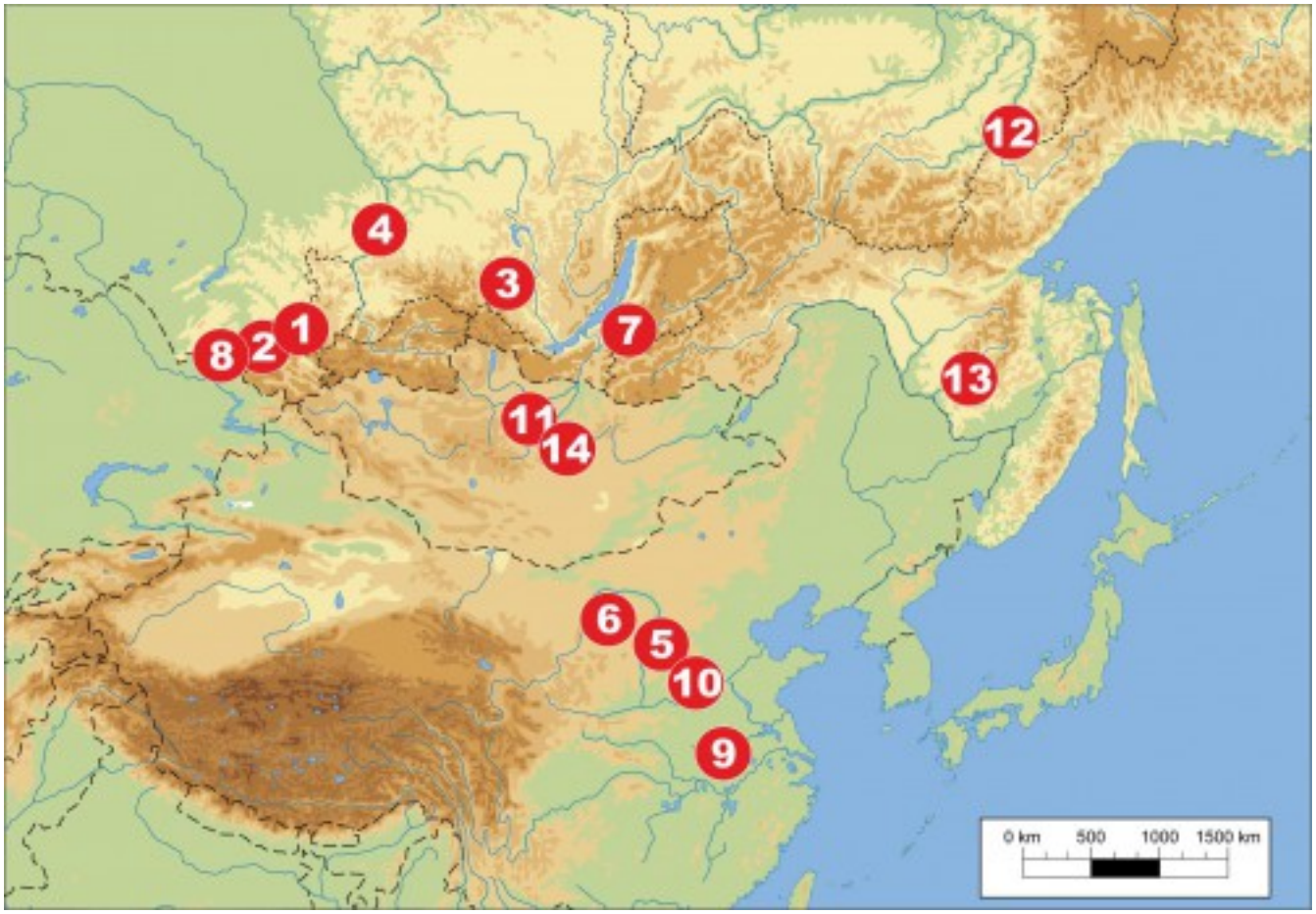
Соответственно, мной был поставлен вопрос: если гаплогруппы Q и R возникают в Восточной Евразии в верхнем палеолите, и

лишь позже R распространяется в Западную Евразию, то кто были ее носители изначально в языковом отношении? И на каком языке или языках говорили те, кто принес ее в Западную Евразию?

Время возникновения и последующего распространения гаплогруппы R в Западную Евразию, очевидно, свидетельствует, что речь должна идти не о каком-то сверх-древнем, неведомом нам языке (языках). Но о языке, по крайней мере, современном времени возникновения и последующего распада пра-ностратического, пра-афразийского и пра-сино-кавказского языков.

Полученные ранее результаты (Романчук 2008; 2009; 2009а; 2012; 2013) предполагают, как я отметил выше, локализацию дене-кавказской прародины именно в ареале т.н. «сибиро-китайского позднего верхнего палеолита». Поэтому я высказал гипотезу (Романчук, Семенов 2014), что и распространение гаплогруппы R в Западную Евразию следует связывать с носителями некоторых диалектов дене-кавказского.

В свете этой гипотезы факт высоких (до 80%) частот гаплогруппы R у индоевропейских народов Европы входит в соответствие и с аргументируемым лингвистами (С. А. Старостин, А. Бомхард) пра-северокавказским субстратом пра-индоевропейцев.




Карта 3. Стоянки Мальта, Афонтова гора II, и некоторые другие наиболее значимые памятники «сибиро-китайского позднего верхнего палеолита» (по: Деревянко 2005). 1) Ануй-2; 2) Денисова пещера, слой 9; 3) Мальта 4) Афонтова гора II 5) Чжиюй; 6) Шуйдунгоу; 7) Читкан 8) Страшная, слой 4; 9) Сяонаньхай (провинция Хэнань); 10) Чжоукоудянь 1; 11) Толбор-4 12) Дюктай 13) Селемджинская культура 14) Орхон-7

**2.2 Гаплогруппа R у северокавказских народов и некоторых их родственников и соседей.**

Переходя к данным геногеографии, начну с кратких выводов по распространению гаплогруппы R у северокавказских народов и некоторых их родственников и соседей (Романчук 2015: 38-55).

Итак, как следует из (Nasidze, Ling et al. 2004: 213; Юнусбаев 2006: 15; Кутуев 2010: 24; Литвинов 2010: 13; Balanovsky et al.

2011: 8, 27, tab. 2; Myres et al. 2011: 96-97; Дибирова 2011: 14; Yunusbaev et al. 2012: Suppl., tab.3; Скаляхо 2013: 21; Скаляхо и др. 2013; Теучеж 2013; Теучеж и др. 2013: 55, 60), хотя в целом частоты гаплогруппы R у северокавказских народов сравнительно низки, но все же она является третьей из числа их основных гаплогрупп. И, стоит обратить внимание, что это именно гаплогруппа R1 (и прежде всего R1b-M269) — объединяет все северокавказские народы.

Причем в Дагестане R1b-M269 достигает 68% именно у некоторых горных народов-изолятов – носителей северокавказских языков (конкретно, багуалинцев).

У картвельских народов подобного мы не наблюдаем, и, в целом, можно говорить, что частоты гаплогруппы R (имея в виду, прежде всего, R1b-M269 – частоты прочих субклад R у картвелов еще ничтожнее) у них заметно ниже, чем у северокавказских (карта 4).

Так, по новейшим данным (Tarkhnishvili et al. 2014), в Западной Грузии частота R1b-M269 – 8%, в Центральной и Восточной Грузии – 5%. Конкретно у мегрелов (Западная Грузия) – 1,5% (Литвинов 2010; Yunusbaev et al. 2012). Тогда как у северокавказских народов она составляет: абхазы — 12%; адыгейцы – 7%; черкесы – 3%; чеченцы — 2%; аварцы — 15%; лезгины – 30%; кайтагцы – 6%; багвалинцы – 68%; андийцы – 6%; даргинцы – 3%; табасаранцы – 40% (Балановский 2012; Yunusbaev et al. 2012).

В Передней Азии наиболее высокие частоты гаплогруппы R, именно R1b, заметно отличаясь от своих соседей, демонстрируют армяне и современные ассирийцы – до 40% (Herrera et al. 2011: 2, fig.2; Hovhannisyan et al. 2014: 9, fig.2; Yepiskoposian et al. 2006: 205, tab. 1; Lashgary et al. 2011: 364). Как я постарался показать (Романчук 2015: 41-47), этот факт наилучшим образом объясняется мощным хуррито-урартским субстратом обоих групп.

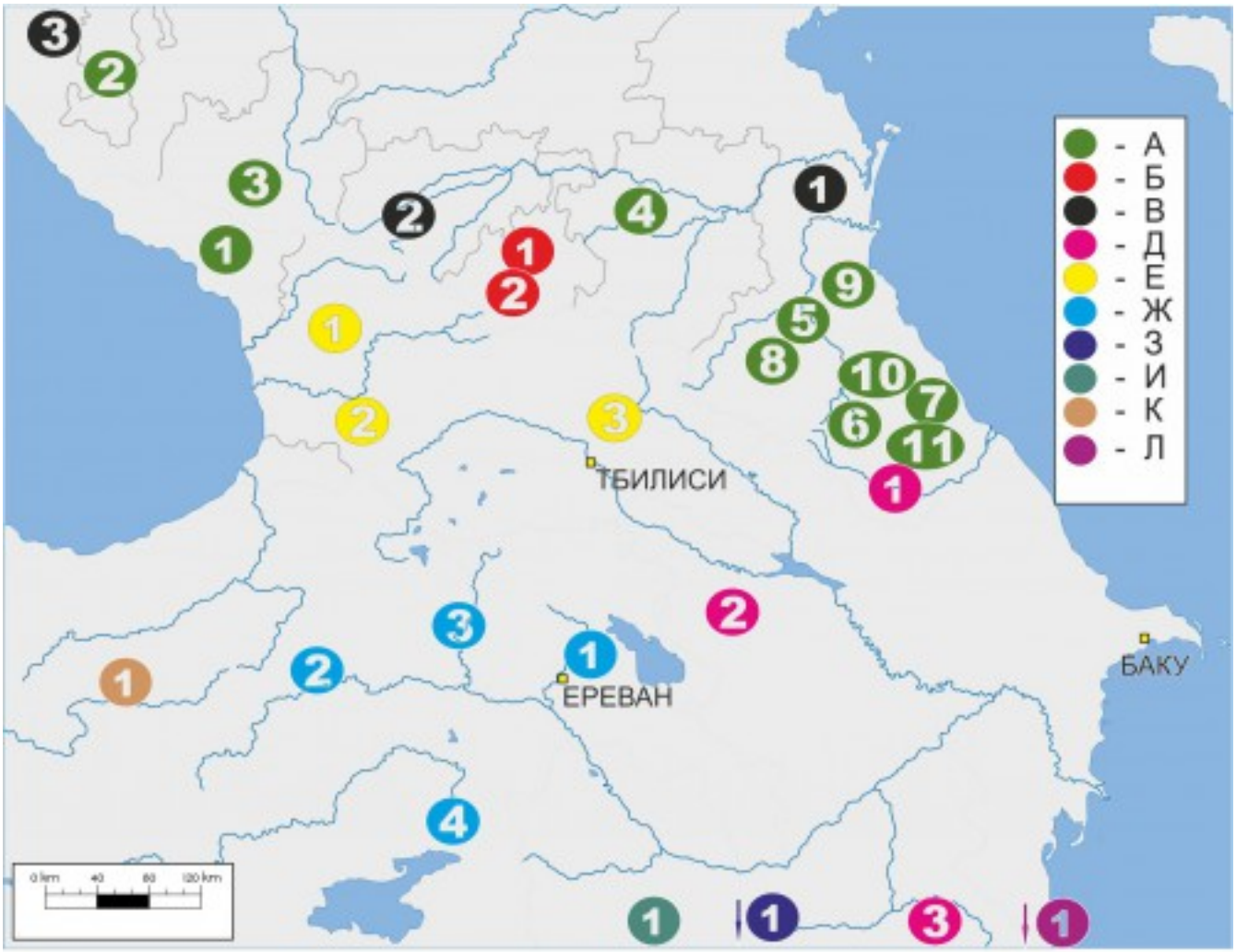
У еще одного представителя дене-кавказской общности, обитающего в Пакистане народа бурушо — носителей языка бурушаски, судя по данным (Firasat et al. 2007), гаплогруппа R совокупно достигает 52%. Это, хотя и не существенно, но выше средней частоты для Пакистана — 51% (Firasat et al. 2007; по (Sengupta et al. 2006: 207, tab.5) – 44%). И, существенно выше, нежели средняя частота для Индии – 33% (Trivedi et al. 2007: 398, tab. 2a).

При этом частоты более древних субклад R — R2 и R-M207, у бурушо соответственно вдвое и вдесятеро (!) выше, чем средние по Пакистану. А частоты более поздней – R1a, наоборот, заметно ниже, чем средняя по Пакистану. Именно: R-M207 у бурушо – 10% (Пакистан (средняя) – 0,6%); R2 у бурушо — 14,4% (Пакистан (средняя) – 7,8%); R1a у бурушо – 26% (Пакистан (средняя) – 37%) (Firasat et al. 2007).

Наконец, у басков, также включаемых в дене-кавказскую макросемью, гаплогруппа R1b составляет более 80% (Young et al. 2011). И, это тоже выше, чем частота R1b у соседних с ними популяций Пиренейского полуострова (Lopez-Parra et al. 2008: 45) и Франции (Bekada et al. 2013: Suppl.). А именно, частота R1b составляет: Пиренейский полуостров (средняя) – 65% (Bekada et al. 2013); Франция (средняя) – 57% (Bekada et al. 2013). А у наиболее изолированных баскских популяций частоты R1b еще выше – почти до полного доминирования.

Причем, на основании анализа палеоДНК, наиболее ранние на сегодняшний день свидетельства присутствия гаплогруппы R1b (конкретно R1b1) и вообще R на Пиренейском полуострове относятся к эпохе неолита, порядка 7 ТЛН (Haak, Lazaridis et al. 2015: 25, tab.2).

*Таким образом, в Западной Евразии наблюдается выраженная корреляция сравнительно более высоких частот гаплогруппы R и носителей дене-кавказских языков. Особенно в этом отношении выделяются баски и бурушо.*




Карта 4. Гаплогруппа R1b-M269 у северокавказских народов и некоторых их родственников и соседей. А) Северокавказские народы – носители северокавказских языков (по: Балановский 2012; Yunusbaev et al. 2012): 1) Абхазы -12%; 2) адыги – 7%; 3) черкесы – 3%; 4) чеченцы — 2%; 5) аварцы — 15%; 6) лезгины – 30%; 7) кайтагцы – 6%; 8) багвалинцы – 68%; 9) андийцы – 6%; 10) даргинцы – 3%; 11) табасаранцы – 40%; Б) Северокавказские народы – носители иранских языков: 1) осетины в целом – 7,7%; 2) осетины-дигорцы – 16% (по: Дибирова 2012); В) Северокавказские народы – носители тюркских языков: 1) кумыки – 22%; 2) карачаевцы и балкарцы – 3-7% (по: Схаляхо 2013); 3) кубанские ногайцы – 17% (по: Литвинов 2010; Yunusbaev et al. 2012). Д) Азербайджанцы: 1) азербайджанцы Дагестана и разных районов Азербайджана – 22% (по: Схаляхо 2013); 2) азербайджанцы Гянджи – 7,5% (по: Yepiskoposian et al. 2006); 3) азери Азербайджан Гхарби – 14% (по: Grugni et al. 2012). Е) Картвелы: 1) мегрелы — 1,5% (по: Литвинов 2010; Yunusbaev et al. 2012); 2) Западная Грузия в целом – 8%; 3) Центральная и Восточная Грузия в целом – 5% (по: Tarhnishvili et al. 2014). Ж) Армяне: 1) Восточная Армения – 36-42% (по: Yepiskoposian et al. 2006; Hovhannisyan et al. 2014); 2) Западная Армения – 22%; 3) Центральная Армения – 21%; 4) армяне региона оз. Ван – 32% (по: Hovhanisyan et al. 2014). З) Ассирийцы Азербайджан Гхарби – 23% (по: Grugni et al. 2012); И) Иран (средняя) – 9% (по: Grugni et al. 2012); К) Турция (средняя) – 15% (по: Bekada et al. 2013); Л) Гиляки (Южный Прикаспий) – 20% (по: Grugni et al. 2012).

**2.3 Гаплогруппа Q – кеты на фоне Евразии.**

Помимо гаплогруппы R, внимание привлекает и ее «родная сестра» — гаплогруппа Q.

Гаплогруппа Q является мажорной у на-дене – достигая от 75% до более 90% у апачей и навахо. Разумеется, для расположенных в Северной Америке на-дене это не удивительно. Но заслуживает внимания, что именно гаплогруппа Q в весьма высокой концентрации (84%) представлена и у кетов – еще одного представителя дене-кавказской общности. А также у ближайших родственных им в антропологическом отношении селькупов – 66%. Тогда как на остальной территории Сибири она варьирует в пределах 5-15% (Харьков и др. 2007: 680; Харьков 2012: 13-14, таб. 2; Балаганская, Лавряшина и др. 2011: 28).

*Таким образом, наблюдается крайне высокая, доминирующая концентрация Q у кетов и селькупов — резко отличающая их от всех прочих народов Евразии.*

В западной части Евразии гаплогруппа Q обнаруживается и у ряда северокавказских популяций, достигая 6% у чеченцев (Balanovsky et al. 2011: 27, tab. 2). Причем, «наиболее близкой к селькупам Q1a3 оказалась небольшая группа чеченцев» (Волков 2013: 86).

При этом, у тюркских народов Кавказа гаплогруппа Q практически отсутствует – за исключением балкарцев, и единичного случая у караногаев.

Частота Q в Иране же – 6% (Bekada et al. 2013), что даже существенно выше, чем в евразийской степи (где ее частота — 1-2% (Балаганская и др. 2011: 15, таб. 2)).

*В целом, анализ распространения гаплогруппы Q в Западной Евразии и Северной Африке приводит, полагаю, к выводу о проникновении гаплогруппы Q (или, по крайней мере — Q* и Q1a3) в указанные регионы, и прежде всего в восточную часть Передней Азии, в весьма раннее время. По всей видимости — сопоставимое со временем проникновения гаплогруппы R.*

### 3. Гаплогрупы L и T в контексте восточноевразийской гипотезы.

Следующая из интересующих нас гаплогрупп – гаплогруппа L (Романчук 2015: 76-90).

Отправной точкой здесь служит наличие (и к тому же, даже более выраженное в сравнении со многими соседями) гаплогруппы L у северокавказских и родственных им народов. Оно, по всей видимости, свидетельствуют об определенной связи их истории с регионом Пакистана-Афганистана (что было показано и исходя из других оснований (Романчук 2015: 79-81, прим. 22)) – где (именно в районе Пакистана), по доминирующей сегодня точке зрения, и возникает гаплогруппа L.

Примечательно, что гаплогруппы L и T – единственные производные макрогаплогруппы K, которые возникают в Западной, а не Восточной Евразии, и конкретно в Передней Азии. При этом, обращает на себя внимание их практическое отсутствие у австроазиатских народов Индии – на фоне наличия у этих народов гаплогрупп J2 и F на уровне, примерно равном дравидам. Это заставляет предположить, что и в Передней Азии гаплогруппы L и T (или, скорее, их общий предок, гаплогруппа LT) появляются относительно позже – хотя еще в верхнем палеолите. И, видимо, тоже с северо-востока, в последней инстанции — из Средней Азии.[4]

Поэтому, корректируя предложенную мной ранее точку зрения (Романчук, Семенов 2014: 54), можно предположить, что и носители гаплогрупп L и T в языковом отношении изначально относились к тому этнолингвокультурному массиву Северо-Восточной Евразии, из которого позже выделились дене-кавказские языки. И только позднее носители гаплогрупп L и T были ассимилированы ностратиками и афразийцами.

В качестве еще одного основания для такого предположения может, возможно, служить выявляющаяся положительная корреляция, и весьма выраженная, между гаплогруппой T и OV-языками Африки (Романчук 2015: 91-102). По всей видимости, можно считать наиболее правдоподобным, что это взаимосвязанные феномены, характерные изначально для северной части Восточной Африки — района Африканского Рога, и связанные с до-афразийским населением этого региона.[5]

Разумеется, опираясь на то, что OV-модель весьма характерна для языков аборигенов Австралии и Новой Гвинеи, мы могли бы предположить, что OV-модель в Африке является реликтом времени первоначального расселения Homo Sapiens S. из Африки.

Однако такому предположению противоречит ряд фактов.

Во-первых, гаплогруппа T является сравнительно молодой гаплогруппой (возникает в диапазоне 30-19 ТЛН), и, в Африке рассматривается исследователями как очевидный результат ранней обратной миграции из Евразии.

Во-вторых, помимо высокой частоты гаплогруппы T, в северной части Восточной Африки – районе Африканского Рога (т. е., в зоне основной концентрации OV-языков в Африке) проявляются еще и очень высокие частоты некоторых субклад гаплогруппы E-M35 – прежде всего E- V1515 (а также E -V22, E -V32 и других) (Trombetta et al. 2015: 1947, fig. 3; Suppl., tab. 7).

И, насколько я могу судить, и носители OV-языков в Центральной и Западной Африке (их ареал в основном представляет собой полосу, вытянутую вдоль региона Судан и Сахеля), в частности – манде и нило-сахарские, отличаются от прочих популяций суб-Сахары преобладанием как раз субклад той же E-M35, именно — E-M81 (de Filippo et al. 2011: Suppl., tab. 2; Tishkoff et al. 2007: 2184, fig. 4; Hassan et al. 2008: 319, fig. 2).

Основной ареал распространения E-M81 – Северная Африка, а именно регион Сахара-Мавритания, Ливия, Тунис, Алжир и Марокко (Bekada et al. 2013: Suppl., tab. 6; Trombetta et al. 2015: Suppl., tab. 7).

Но те языки Центральной и Западной Африки, которые демонстрируют OV-модель (нило-сахарские языки Сахеля, языки манде, игджодные и некоторые другие) – ранее, видимо, занимали существенно более северные территории, к северу от Сахеля. Согласно В. Ф. Выдрину, прародина манде располагалась на территории Сахары (Vydrin 2009); игджоидные народы, по мнению Р. Бленча, приходят с верховий Нигера (Прохоров 2011: 256). К югу их ареалы смещаются в результате усыхания Сахары и\или давления носителей афразийских языков. До этого, надо полагать, область распространения OV-языков Африки в очень большой степени (если не полностью), совпадала с ареалом древнейшей керамики Африки – включая т. н. «хартумский мезолит» (Жущиховская 2011: 102, рис.1).

То есть, видимо, можно говорить об участии в корреляции «гаплогруппа T\ OV-языки Африки» и некоторых субклад гаплогруппы E-M35.[6]

Однако E-M35 (она, по всей видимости, возникает в северной части Африканского Рога (Trombetta et al. 2015: 1946)), — является тоже сравнительно молодой, порядка 25 ТЛН (Trombetta et al. 2015: 1943), гаплогруппой.

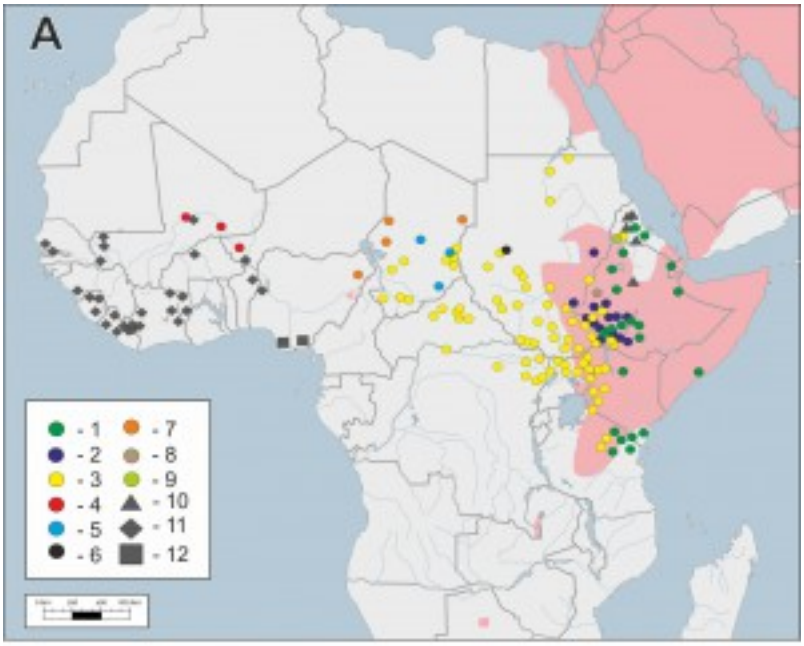
Между тем, «the radiation of haplogroup E started about 58 ka, somewhere in sub-Saharan Africa, with a higher posterior probability (0.73) for an eastern African origin. Moreover, it seems that the next five major dichotomies also occurred in eastern Africa (posterior probabilities ranging 0.84–0.97) …» (Trombetta et al. 2015: 1946). В том числе и предковая для E-M35 гаплогруппа E-M215 возникает в Восточной Африке (с вероятностью 0,97) – как и, скорее всего, и доминирующая на большей части территории Африки, и прежде всего — Западной Африки, E-V38.

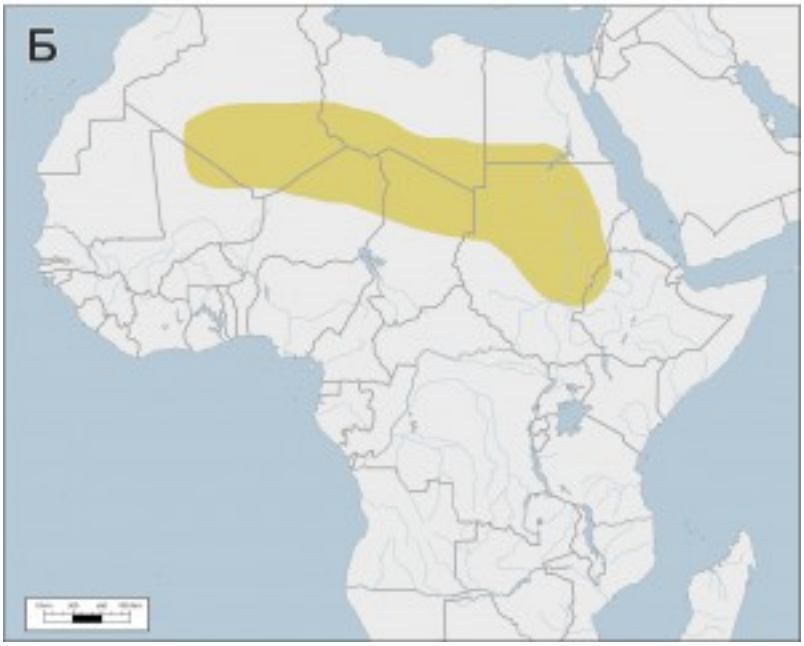
То есть, корреляция определенных субклад гаплогруппы E и OV-модели в Африке – феномен сравнительно поздний, возникающий позднее 25 ТЛН.

Носители койсанских языков Южной Африки (для некоторых из них тоже характерна OV-модель) в генетическом отношении демонстрируют, как давно было отмечено исследователями, отчетливые связи с той же северной частью Восточной Африки. У этих койсанских народов также заметно проявлена гаплогруппа E-M35, точнее – E-V1515, притом ее позднейшая, терминальная субклада E-M293 (Trombetta et al. 2015: 1947, fig. 3; Suppl., tab.7). Поэтому, вопреки тому, что сами носители койсанских языков, очевидно,являются древнейшим феноменом (как в антропологическом и генетическом, так и языковом отношении), все же, возможно, что и у них OV-модель возникает сравнительно поздно в результате внешнего влияния.

*Таким образом, на мой взгляд, можно предполагать, что именно в результате произошедшей в верхнем палеолите обратной (из Евразии) миграции носителей гаплогруппы T в Восточную Африку (а также их дальнейшего и более позднего расселения в регионе Сахеля и региона Судан – уже вместе с носителями некоторых субкладов гаплогруппы E-M35) и сформировался ареал OV-языков Африки.*

*Разумеется, к этому предположению следует подходить со всей возможной осторожностью. Однако, и оставлять его без обсуждения мне представляется непродуктивным.*




Карта 5. Распространение гаплогруппы Т в Африке, ареал древнейшей керамики Африки (включая т. н. «хартумский мезолит») (по: Жущиховская 2011: 102, рис. 1), и ареалы нило-сахарских, омотских, кушитских, манде и игджоидных языков (по: Dryer 2013). А) Распространение гаплогруппы Т в Африке и ареалы нило-сахарских, омотских, кушитских, манде и игджоидных языков: Афразийские языки: 1- кушитские; 2 – омотские; 10 – семитские языки. 11- языки манде. 12 – игджоидные языки. Нило-сахарские: 3 – суданские; 4 – сонгай; 5 – маба; 6 – фур; 7 – сахарские. Языки-изоляты: 8- берта; 9 – кунама. Б) Ареал древнейшей керамики Африки (включая т. н. «хартумский мезолит»).

## 4. Гаплогруппа N1-LLY22, формирование уральской расы и «южнокитайский континуум» гаплогрупп мтДНК по О. П. Балановскому.

### 4.1 Гаплогруппа N1-LLY22 и проблема формирования уральской расы.

Помимо вышерассмотренных, особого внимания здесь заслуживает (как оказалось – и неожиданно и для меня самого) и гаплогруппа N1-LLY22 (Романчук 2015: 103-118).

Итак, на сегодняшний день установлен факт проникновения восточноазиатской гаплогруппы N1-LLY22 в Волго-Уральский регион еще в начале голоцена, на рубеже мезолита-неолита (Балаганская и др. 2011: 20). В это же время проникает в регион и архаичная субклада R1b1*(xR1b1a1,R1b1a2) — обнаруженная у индивида из погребения Елшанской культуры субнеолита Самарского Поволжья (Haak, Lazaridis et al. 2015: 25, tab. 2). Сегодня «в популяциях Волго-Уральского региона … Основная доля отцовского генофонда … приходится на три гаплогруппы: R-M269, R-M198 и N-M231, частоты которых в сумме в разных популяциях составляют от 49% до 100%» (Трофимова 2015: 16).

В этой связи, полагаю, заслуживает особого внимания, что индивид из могильника Лебяжинка на р. Сок, который и демонстрирует R1b1*(xR1b1a1,R1b1a2) (Haak, Lazaridis et al. 2015: 25, tab. 2), принадлежит к прото-уральскому антропологическому типу (Хохлов, Яблонский 2000: 281). Генезис которого, в свете современных представлений, очевидно связан с Северо-Восточной Евразией.

И это заставляет думать, что проникновение по крайней мере R1b1*(xR1b1a1,R1b1a2) в Волго-Уральский регион шло именно из Средней или Западной Сибири вместе с представителями прото-уральской расы. На мой взгляд, не исключено, что это население в языковом отношении тоже было близко дене-кавказцам.

Само же формирование уральской расы, в первую очередь — учитывая давно отмечаемые «южномонголоидные» сближения кетов, получает, думаю, теперь свое убедительное объяснение, во-первых, в связи с аргументируемым Т. М. Карафет и соавт. (Karafet, Mendez et al. 2015) продвижением гаплогруппы P (или даже еще гаплогруппы K) из Юго-Восточной Азии в Северо-Восточную Евразию. Что отчасти созвучно и предлагаемому в последнее время А. Г. Козинцевым (2014a) ренессансу концепции «бореального надрасового ствола».

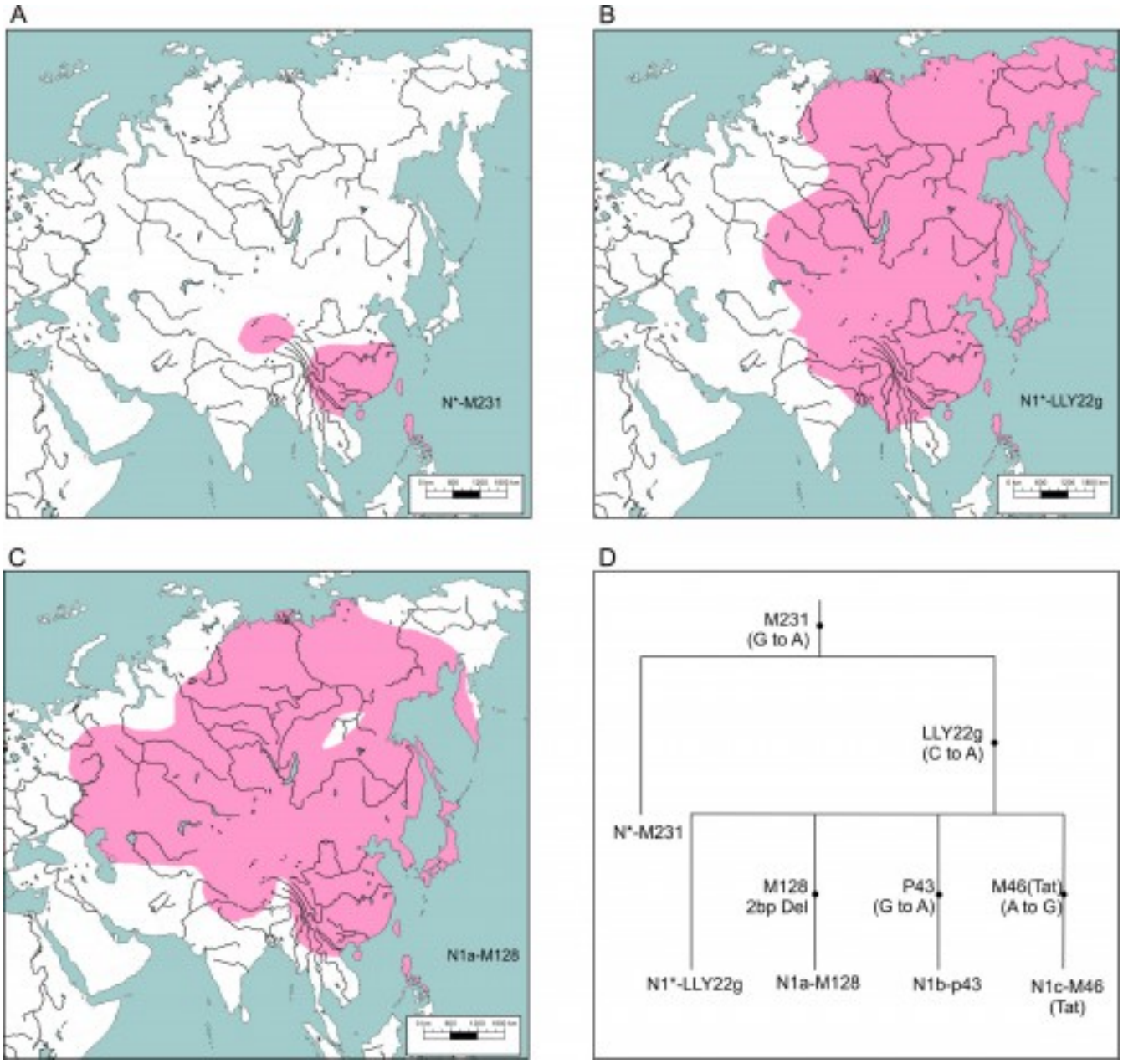
Действительно, очевидна корреляция: наиболее выраженные представители уральского антропологического типа, кеты и селькупы (по результатам А. Г. Козинцева (2004)), демонстрируют и максимальные, и сильно отличающие их от прочих популяций Сибири частоты гаплогруппы Q.

Но, во-вторых, полагаю, также очевидно, что только к гаплогруппе Q решение проблемы не сводится. Помимо древней миграции носителей гаплогруппы P из Юго-Восточной Азии в Северо-Восточную Евразию, безусловно, в формировании уральской расы не меньшую роль сыграл и другой фактор.

Этот другой фактор, если говорить в общем – это древняя, относящаяся еще ко временам верхнего палеолита, метисация. И, конкретно, думаю, не меньшую роль в формировании уральской расы сыграли носители гаплогруппы N, особенно — N1-LLY22 и N1b.

На это указывают и другие исследователи: «N1b … Вероятно, она маркирует древнюю популяционную общность населения уралоидного антропологического типа» (Харьков 2012: 27).

*Таким образом, формирование прото-уральской расы является, на мой взгляд, в первую очередь результатом взаимодействия в восточной части Евразии в конце плейстоцена -начале голоцена носителей гаплогрупп Q и R с одной стороны – и гаплогруппы N, прежде всего N1-LLY22 — с другой. Первичное продвижение гаплогруппы N1-LLY22 в Западную Евразию, произошедшее в начале голоцена, возможно, было связано тоже с расселением каких-то групп носителей дене-кавказских языков.*



Карта 6. Распространение N1-LLY22 и некоторых других ранних субкладов гаплогруппы N (по: Shi et al. 2013: fig. 2, 3).

**4.2 «Южнокитайский континуум» гаплогрупп мтДНК по О. П. Балановскому и восточноевразийская гипотеза дене-кавказской прародины.**

В данном же контексте я хотел бы обратить особое внимание на недавние результаты исследований О. П. Балановского (2012). Им был «… разработан метод объективной классификации гаплогрупп на их географические континуумы. На первом этапе частоты гаплогрупп в популяциях анализируются методом главных компонент, но на график выводятся не наблюдения (популяции), а переменные (гаплогруппы). Проявившееся на графике объективное объединение гаплогрупп в кластеры (континуумы) означает их скоррелированность друг с другом и следование общему географическому паттерну. Поэтому на втором этапе строятся карты суммарной частоты гаплогрупп, попавших в один континуум, и по его географической приуроченности дается название» (Балановский 2012: 32).

Применение этого подхода к митохондриальному генофонду Евразии дало результаты, весьма любопытные с точки зрения восточноевразийской гипотезы.

Именно, по данным митохондриальной ДНК «… новый обнаруженный континуум 3 … можно назвать «южно-китайским», поскольку его максимальные частоты сосредоточены вокруг Южно-Китайского моря (в Индокитае, Южном Китае, Индонезии, Филиппинах)» (Балановский 2012: 32). Если посмотреть на карту (Балановский 2012: 34, рис. 16), то мы видим, что этот

«южнокитайский континуум» гаплогрупп мтДНК охватывает не только Восточную, Центральную и Среднюю Азию, Тибет, Казахстан, Среднюю и Западную Сибирь, Волго-Уральский регион (отчасти). Но и Северо-Восточный Иран, Афганистан, северный Пакистан, территорию вокруг Каспия (кроме Южного Прикаспия). И, самое главное – Кавказ (исключая, видимо, сванов и еще некоторые горские группы) и Армянское нагорье.

При этом, из «южнокитайского континуума» мтДНК выпадает Турция (что очевидно является аргументом против того, чтобы связывать распространение «южнокитайского континуума» мтДНК в Переднюю Азию с миграциями тюркских народов), выпадает Загрос (за исключением его крайней северо-западной периферии, на переходе в Армянское нагорье) и Северо-Западный Иран.

Зато, в виде отдельного «острова», «южнокитайский континуум» мтДНК охватывает территорию Северного Судана, и отчасти Эритреи. Этот остров имеет очевидное продолжение на расположенном напротив через Красное море небольшом участке Аравийского полуострова в западной части Хиджаза.

И, этот «остров» заставляет вспомнить о некоторых предположениях восточноевразийской гипотезы, высказанных в связи с т. н. «хартумским мезолитом» (Романчук 2013: 271-272).[7]

Разумеется, необходимо дальнейшее уточнение времени и обстоятельств формирования данного континуума. Явно, что и в Западной и Восточной Евразии его формирование – это результат «суммирования» множества исторических эпизодов и миграций. В частности, в Западной Евразии определенную роль в его формировании могли сыграть и сравнительно поздние миграции, начиная со скифов и заканчивая тюркскими миграциями средневековья.

Но, если говорить о начальном этапе его формирования, то мне кажется явным, что речь идет о весьма древнем феномене.

Однако, учитывая невхождение в «южнокитайский континуум» как Европы, так и крайнего востока Евразии (Чукотки, Камчатки), думаю, что древность начального этапа формирования этого феномена не выходит за пределы самого конца плейстоцена. Склонен предположить, что его датировка должна совпадать со временем распространения гаплогруппы N1-LLY22 в Сибирь и Центральную Азию.

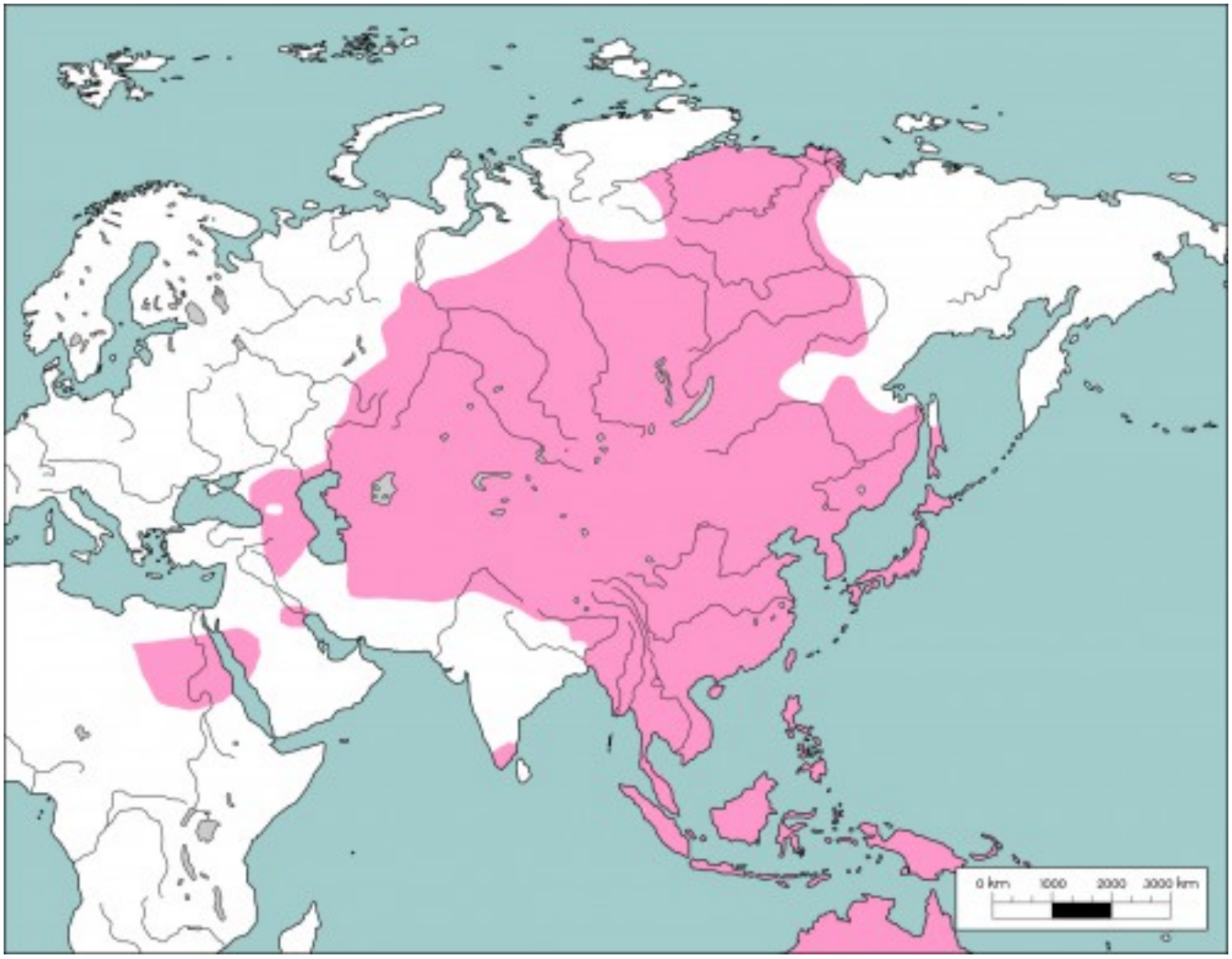
Это, помимо прочего, позволяет думать, что и на Кавказ гаплогруппа N1-LLY22 могла попасть синхронно с ее проникновением в Волго-Уральский регион.

Что же касается Северного Судана, то здесь вопросов куда больше. Тем не менее, с учетом всего рассмотренного выше склонен предположить, что возникновение здесь «острова» представляет собой самый ранний эпизод, предшествующий распространению «южнокитайского континуума» мтДНК как на Кавказ, так и в Волго-Уральский регион.

Впрочем, надеюсь, дальнейшие исследования позволят уточнить эти вопросы.

*Таким образом, рассмотрение т.н. «южнокитайского континуума» мтДНК по О. П. Балановскому приводит к предположению, что и его распространение в Западную Евразию (и прежде всего на Кавказ и Армянское нагорье) было результатом имевшей место в начале голоцена (то есть, синхронно с распадом сино-кавказской общности) крупной миграции населения из Северо-Восточной Евразии. И было связано с продвижением именно носителей некоторых дене-кавказских диалектов (пра-северокавказского, хурритского и урартского в первую очередь).*

*Однако, еще раз хочу подчеркнуть, здесь необходимо ответить еще на множество вопросов, чтобы подтвердить это предположение.*



Карта 7. «Южнокитайский континуум» гаплогрупп мтДНК по О. П. Балановскому (по: Балановский 2012: 34, рис. 15).

## 5. Гаплогруппы R и Q, а также переднеазиатские (J, G, E, L и T) у дене-кавказских народов вне Передней Азии.

### 5.1 Переднеазиатские гаплогруппы у басков, бурушо и в Восточной Азии.

Обратимся далее к другой стороне проблемы, и посмотрим на переднеазиатские гаплогруппы (J, G, E, L и T) у дене-кавказских народов, обитающих вне Передней Азии (Романчук 2015: 119-141). То есть — у басков, бурушо и сино-тибетских. Поскольку у кетов и на-дене переднеазиатские гаплогруппы вообще отсутствуют.

Как можно видеть, даже у басков и бурушо, у которых переднеазиатские гаплогруппы могли появиться многими путями — они минимальны. И, что важно — существенно ниже, вдвое или даже втрое, в сравнении с их непосредственными соседями (Alonso et al. 2005: 1295, fig. 1; Adams, Bosch et al. 2008: 728, fig. 1; Lopez-Parra et al. 2008: 45; Young et al. 2011: 460; Becada et al. 2013: Suppl., tab. S6; Firasat et al. 2007).

Так, у басков суммарная частота вышеупомянутых переднеазиатских гаплогрупп варьирует от полного их отсутствия в некоторых, наиболее изолированных популяциях — до 9-12%. Для населения же Пиренейского полуострова этот показатель, по разным данным, составляет от 22% до 30%. Как и для населения Франции.

Применительно к баскам, из этого, как мне кажется, следует и то, что предки басков появились на Пиренейском полуострове ранее (пусть и ненамного) или вне (а скорее – и то, и другое) тех неолитических миграций с Ближнего Востока в Европу, которые так заметны и по палеоДНК. Как было показано, «… the gene pool of the early Neolithic farmers [Европы – А. Р.] was drastically different from the modern European one, but showed close affinities with the modern (and probably ancient) Near Eastern gene pool» (Balanovsky, Utevska, Balanovska 2013: 29).

У бурушо J2 составляет 7,2% (среднее по Пакистану — 13,2%), J-12f2—1% (среднее по Пакистану — 3%), G — 1% (среднее по Пакистану — 2,7%) (Firasat et al. 2007: 123).

В Восточной Азии совокупный удельный вес переднеазиатских (вернее, вообще западноевразийских) гаплогрупп ничтожен – менее 2% (Zhong et al. 2011: 721). Даже принимая во внимание принцип разности демографических потенциалов – проникающие в Восточную Азию мигранты оказывались заведомо и несопоставимо уступающими в численности местному населению, все же это очень незначительная цифра.

К тому же из нее следует исключить и заведомо поздние (хотя и по частоте вообще почти нулевые) гаплогруппы, проникающие в Восточную Азию уже в бронзовом веке и во времена функционирования Шелкового пути.

Помимо того, львиная доля, более половины, частот переднеазиатских гаплогрупп в Восточной Азии, приходится на долю тех, которые, по выводам (Zhong et al. 2011: 721), попадают в регион еще в верхнем палеолите, прежде всего в диапазоне 18-15 ТЛН.

Учитывая возникающие на сегодняшний день сомнения в точности датировок генетиков, приведу новые дополнительные аргументы в пользу верности этого вывода (Романчук 2015: 123-132).

Итак, во-первых, в этот же интервал попадают и расчетные датировки гаплогрупп Q и R в Восточной Азии. Между тем, их расчетные датировки по (Zhong et al. 2011) — находятся в полном соответствии с фактическими датировками палеоДНК Мальты и Афонтовой горы.

Во-вторых, верхнепалеолитическая миграция из Западной Евразии (главным образом – Передней Азии) в Северо-Восточную Евразию, и прежде всего именно в искомом диапазоне 18-15 ТЛН, отлично улавливается и по данным мтДНК (Derenko et al. 2014: 8).

Наконец, в-третьих, эта датировка хорошо согласуется и с данными археологии.

В самом деле, археологические данные свидетельствуют, что именно около середины верхнего палеолита в Восточную Азию проникли группы *Homo sapiens* с северо-запада (Деревянко 2005: 12; Вишняцкий 2008: 84; Дробышевский 2010: 282-283).[8]

Поэтому, на мой взгляд, все же наиболее правдоподобно, что эти переднеазиатские гаплогруппы (гаплогруппы первой категории, как я их обозначил) появляются в Восточной Азии в указанном выше интервале 18-15 ТЛН — вместе с Q и R.

Впрочем, с другой стороны, не стоит забывать и о том, что время распада сино-кавказской общности – около 11-10 ТЛН. И вплоть до этого времени сино-кавказская общность, очевидно, представляла собой этнокультурный и языковой континуум – большей или меньшей степени связанности. В этом континууме, обеспечивая его существование, происходила циркуляция не только культурной и языковой информации, но, надо полагать – и генетической.

Между тем, даже с учетом возможных погрешностей, датировки переднеазиатских гаплогрупп первой категории никак не выходят за пределы времени существования сино-кавказского континуума.

Поэтому, даже если мы допустим, что гаплогруппы первой категории могут не так уж и точно соответствовать интервалу 18-15 ТЛН, это никак не повлияет на принципиально важный вывод – об их проникновении в Восточную Азию еще в верхнем палеолите.

Существенно важно, что именно верхнепалеолитические гаплогруппы, гаплогруппы первой категории, распространяются намного шире, и представлены как у не-сино-тибетских по языку этнических меньшинств Северо-Западного Китая, так и у сино-тибетских народов (главным образом, разных групп хань). И даже преимущественно (или исключительно — как G2a1, обнаруженная только у хань) у сино-тибетских.

Тогда как более поздние (исключая из них заведомо поздние), или гаплогруппы второй категории – только и исключительно у этнических меньшинств Северо-Западного Китая.

Ранее я предположил, что гаплогруппы второй категории появляются в Восточной Азии в связи с распадом ностратической семьи и миграцией уже носителей алтайских языков. Хотя это предположение нуждается в дальнейшей проверке, оно мне кажется весьма правдоподобным и сегодня.

*Таким образом, частоты переднеазиатских гаплогрупп у дене-кавказских популяций, обитающих вне Передней Азии или равны нулю (кеты, на-дене), или ничтожны (Восточная Азия – 2%), и, во всяком случае, даже у басков и соседящих с Передней Азией бурушо – существенно, по крайней мере – вдвое, ниже, чем у окружающих их популяций. Принципиальным является также тот факт, что проникновение основной, подавляющей массы переднеазиатских гаплогрупп в Восточную*

*Азию относится еще к эпохе верхнего палеолита, главным образом, к интервалу 18-15 ТЛН. Т.е., заведомо много ранее предполагаемого времени распада сино-кавказской общности (11-10 ТЛН).*

**5.2 Гаплогруппа G1 и проблема времени ее проникновения в Казахстан и Центральную Азию.**

Наконец, полагаю, с миграцией этого времени (или даже более ранней) следует связывать и появление в Казахстане и Центральной Азии и гаплогруппы G1 (Романчук 2015: 133-141). А вовсе не с миграцией иранских народов – как предлагает недавнее исследование (Balanovsky, Zhabagin et al. 2015).

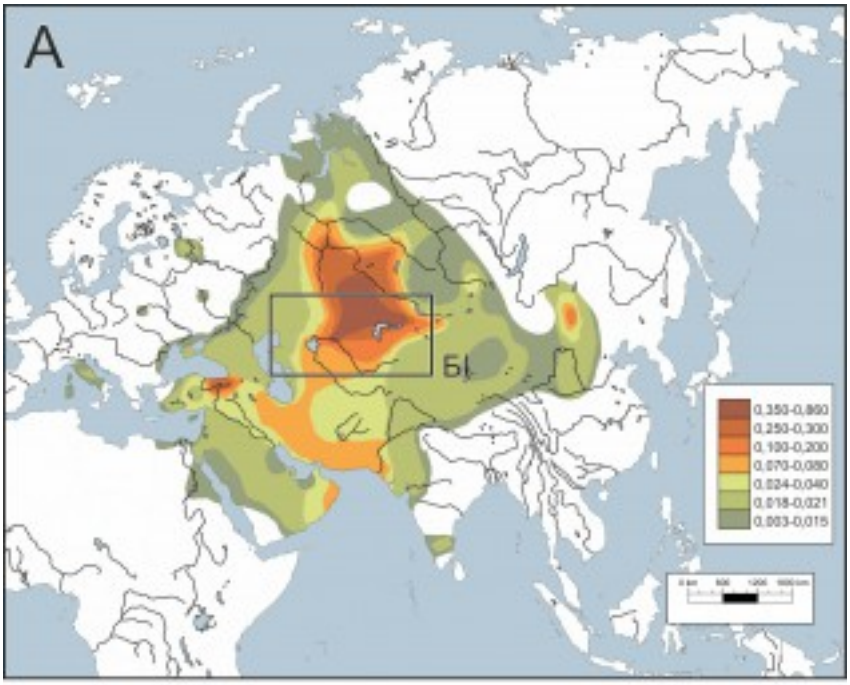
Среди аргументов в пользу такого умозаключения в первую очередь следует отметить, что антропологический тип предположительных носителей иранских языков в степной зоне Евразии, очевидно, связан с миграцией из Восточной Европы: «… в Сибирь и Центральную Азию европеоиды (в большинстве своем, судя по всему, индоевропейцы) пришли не из Средней Азии или Закавказья, а из Восточной Европы. … Краниометрические данные однозначно показывают, что к каким бы ветвям европеоидной расы ни принадлежали европеоиды, проникавшие в Сибирь и Центральную Азию в бронзовом веке, они мигрировали туда из Европы по степям. Об этом можно говорить сейчас даже с большей уверенностью, чем прежде» (Козинцев, Селезнева 2015: 57-58).

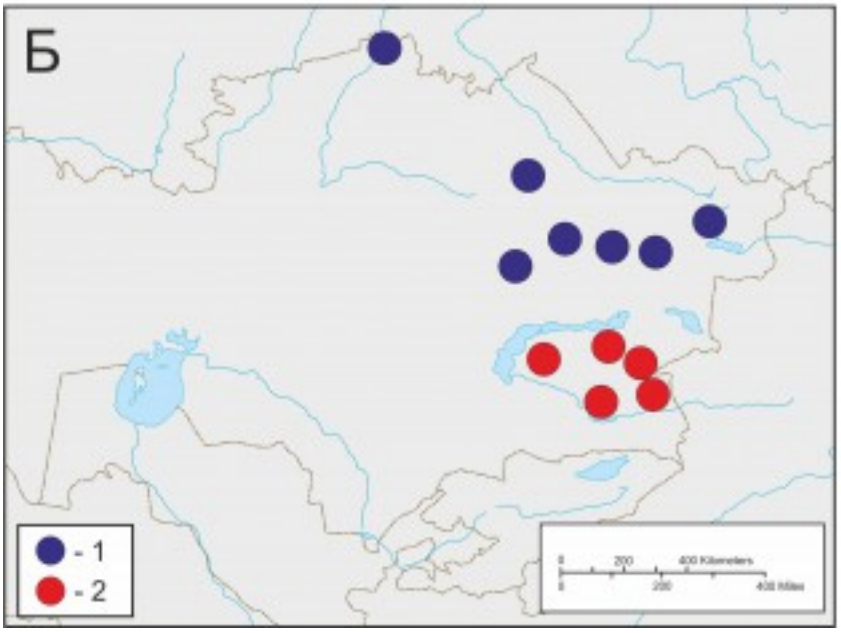
То есть, высокие частоты гаплогруппы G1 — которая, в свою очередь, также очевидно связана происхождением с Передней Азией, не могли быть принесены на территорию Казахстана тем населением, которое можно принять за носителей иранских языков.

Во-вторых, максимально высокие частоты G1 – до 80%, наблюдаются в Северо-Восточном Казахстане (Balanovsky, Zhabagin et al. 2015: 15). Но, по данным физической антропологии, большую степень монголоидности проявляют именно казахи Северо-Восточного Казахстана (Дерябин, Бескина 2009: 92).

Объяснить это дрейфом генов и случайностью мне представляется затруднительным, в том числе и потому, что ситуация с G1 не единична в Центральной Азии.

*Мне представляется гораздо более адекватным допущение, что носители гаплогруппы G1 проникают в Казахстан и Центральную Азию еще до образования современных больших рас.*




Карта 8. Максимальные частоты гаплогруппы G1 в Казахстане (по: Balanovsky, Zhabagin et al. 2015: fig. 2) и ареал большей выраженности монголоидных признаков в антропологическом типе казахов (по: Дерябин, Бескина 2009: 86, рис. 5). А) Ареал гаплогруппы G1 Б) Популяции казахов, отличающиеся большей выраженностью монголоидных признаков: 1 – северо-восточный вариант; 2 – юго-восточный вариант.

**5.3 Гаплогруппы R и Q в Восточной Азии.**

Наконец, посмотрим на собственно гаплогруппы R и Q в Восточной Азии (Романчук 2015: 142-156).

Итак, в целом, хотя Q и R и составляют совокупно 70% гаплогрупп, проникающих в Восточную Азию «via the northern route», но в общей массе гаплогрупп населения Восточной Азии их доля сегодня очень низка – около 5%.

Однако, полагаю, мы прежде всего должны обратить внимание, что у нас здесь дилемма, не допускающая, как мне кажется, третьего решения. То есть: либо сино-тибетцы были изначально носителями гаплогрупп Q и R плюс переднеазиатские первой категории (то есть, верхнепалеолитические). Либо – приход сино-тибетцев в Восточную Азию вообще невозможно уловить по гаплогруппам Y-хромосомы (поскольку других кандидатов у нас попросту нет).

В свете всех уже известных фактов мне представляется явным, что намного правдоподобнее первое умозаключение.

Здесь же отдельно стоит остановиться на вопросе о месте возникновения и дальнейшей дивергенции субклад R1a и R1b.

На мой взгляд, эти события имели место тоже еще в Восточной Евразии.

Среди аргументов в пользу такого вывода отмечу в первую очередь то, что в Центральной Азии и на Алтае мы, во-первых, в ряде случаев опять-таки наблюдаем корреляцию R1a с более монголоидными группами.

Это тувинцы Тоджи: «Получается парадоксальный на первый взгляд результат: население западных районов Тувы, с точки зрения антропологических особенностей наиболее европеоидное, обнаруживает минимум гаплогруппы R1a1a, тогда как наиболее монголоидное население Тоджи – ее максимум» (Харьков 2013: 1420).

И алтай-кижи на Южном Алтае: «у представителей южных алтайцев – алтай-кижи, проживающих в более высокогорных районах Алтая, наблюдается высокая доля западно-евразийских гаплогрупп за счет высоких частот гаплогруппы R1a1a, отражающая палеоевропеоидный компонент. Возможно, ее накопление у алтай-кижи (более монголоидных по данным антропологии, чем шорцы и северные алтайцы) может быть связано с дрейфом генов …» (Балановская, Балаганская и др. 2014: 51).

Во-вторых, если для тувинцев и южных алтайцев мы наблюдаем сочетание повышенных частот R1a с более монголоидными группами, то на Северном Алтае отчетливо проявляется иная корреляция. Именно, северные алтайцы и шорцы, у которых резко доминирующими, более 50-60%, гаплогруппами являются R1b (кумандинцы, шорцы), R1a (тубалары, шорцы) и Q (челканцы), проявляют достаточно высокую степень протоморфности и, очевидно, уклоняются в том же направлении, что и кеты и в целом уральская раса.

Как указывает А. Г. Козинцев, «Все без исключения группы, относимые к уральской расе, обнаруживают по ИГК 2 сильный сдвиг в сторону индонезийцев и индейцев, чем резко отличаются как от сибирских монголоидов, так и от европеоидов. Особенно это относится к кетам, хантам, манси, селькупам, чулымцам и томским татарам …, в меньшей степени – к шорцам, тубаларам, койбалам, тобольским татарам, телеутам, кызыльцам. … Сочетание признаков во всех этих группах свидетельствует именно о протоморфности и резко противоречит гипотезе метисации. … Ни у древних европеоидов Западной Сибири (кроме двух групп эпохи бронзы – из Сопки и Еловки), ни у «классических» сибирских монголоидов ни малейшей протоморфности не обнаруживается» (Козинцев 2008: 357).[9]

То есть, своеобразие антропологического типа северных алтайцев и шорцев объясняется его архаичностью – архаичностью того же порядка, что и кетов и уральской расы.

Кроме того, отчетливо проявляется и «восточномонголоидный» (по выражению А. Г. Козинцева) сдвиг ряда алтайских и хакасских популяций. В том числе и интересующих нас: «ИГК 4 (14% межвекторной изменчивости и 12% общей) отражает в основном своеобразие китайцев. … К китайцам здесь ближе всего шорцы, тубалары, телеуты, кумандинцы, бельтыры» (Козинцев 2004: 182).

Объяснение его пока представляет собой открытый вопрос – но явно, что речь идет о весьма древнем феномене.

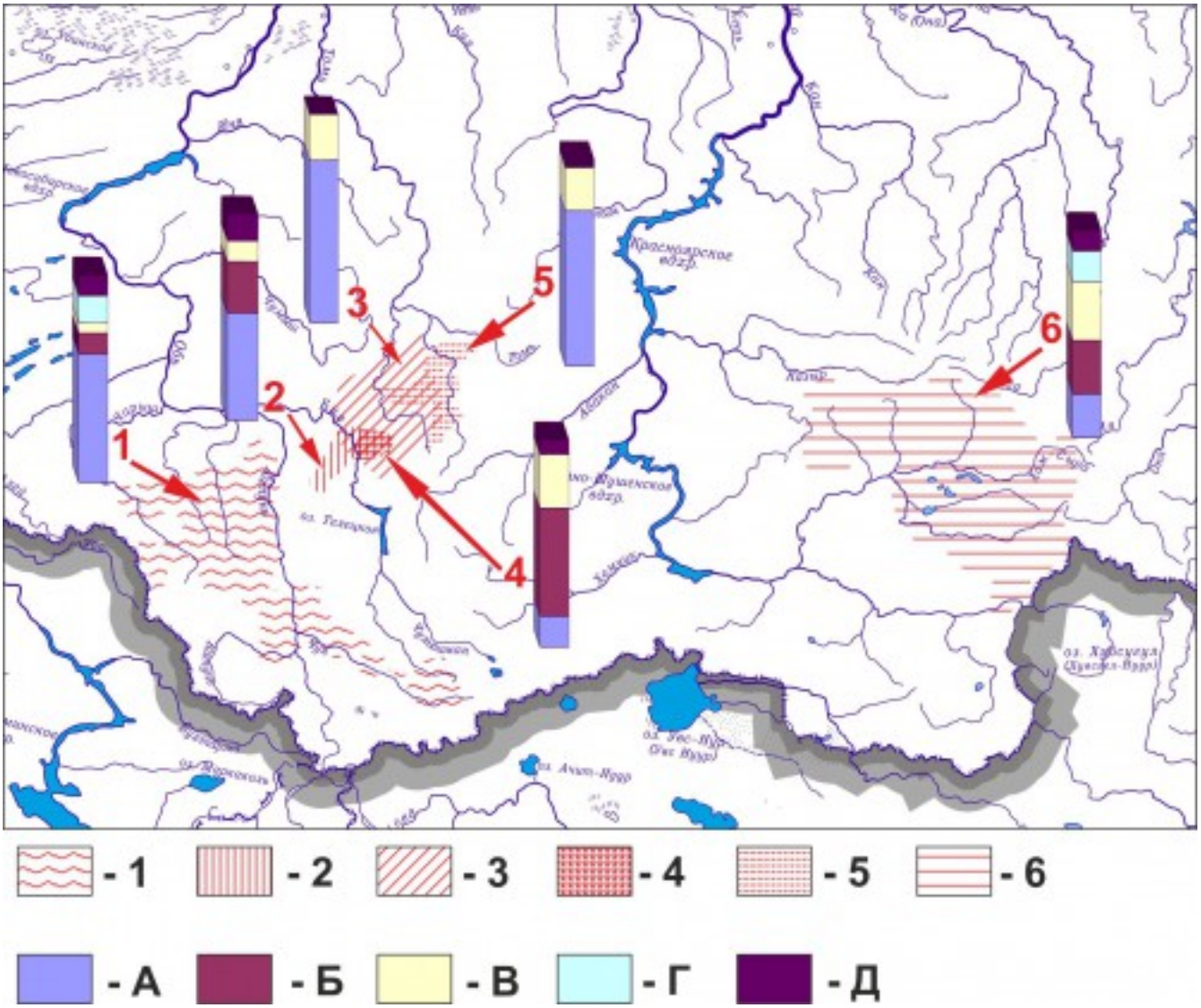
Соответственно, наиболее адекватным объяснением всех этих фактов мне представляется такое, которое предполагает, что дивергенция гаплогруппы R произошла еще в Восточной Евразии. И еще во время, предшествующее образованию современных больших рас – равно как и уральской. А уже затем, хотя и опять-таки до образования больших рас, субклады R1a и R1b — распространяются в Западную Евразию.

Полагаю – вместе с носителями некоторых сино-кавказских диалектов.

Итак, вот в самом сжатом виде основные выводы работы (Романчук 2015).

Но, завершая, я хотел бы подчеркнуть: я далек от мысли, что в этой проблеме все ясно. Скорее даже наоборот – думаю, это лишь первый шаг на длинном пути к относительной ясности. И, разумеется, остается еще очень много крайне сложных вопросов.

Однако, думаю, если их действительно обсуждать, и обсуждать в широком кругу представителей разных наук – решения будут находиться быстрее.




Карта 9. Популяции Алтая и Тувы, отличающиеся повышенными частотами гаплогруппы R и\или Q и, одновременно, повышенной степенью протоморфности (тубалары, кумандинцы, челканцы, шорцы) или монголоидности (алтай-кижи, тоджинцы) (по: Козинцев 2004; Балаганская и др. 2011; Балаганская, Лавряшина и др. 2011; Балановская, Балаганская и др. 2013; Харьков и др. 2013). 1) Алтай-кижи 2) Тубалары 3) Кумандинцы 4) Челканцы 5) Шорцы 6) Тоджинцы

**Литература**:

Балаганская О.А., Балановская Е.В., и др. 2011. Полиморфизм Y хромосомы у тюркоязычного населения Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов западной и восточной Евразии. *Медицинская генетика, 10 (3)*: 12–22.

Балаганская О.А, Лавряшина М. Б., Кузнецова М. А., Романов А. Т., Дибирова Х. Д., Фролова С. А., Кузнецова А. А., Захарова Т. А. и др. 2011. Генетическая структура по маркерам Y хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии). *Вестник Московского университета. Серия XXIII (АНТРОПОЛОГИЯ), 2*: 25-36.

Балановская Е. В., Балаганская О. П., Дамба Л. Д., Дибирова Х. Д., Агджоян А. Т., Богунов Ю. В., Жабагин М. К., Исакова Ж. Т., Лавряшина М. Б., Балановский О. П. 2014. Влияние природной среды на формирование генофонда тюркоязычного населения гор и степных предгорий Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира. *Вестник Московского университета. Серия XXIII (АНТРОПОЛОГИЯ), 2*: 46–55.

Балановский О. П. 2012. Изменчивость генофонда в пространстве и времени: синтез данных о геногеографии митохондриальной ДНК и Y хромосомы. Автореф. дисс. … докт. биолог. наук. Москва: РАМН.

Вишняцкий Л. Б. 2008. *Культурная динамика в середине позднего плейстоцена и причины верхнепалеолитической революции*.

Санкт-Петербург: Изд-во Санкт-ПетербургГУ.

Волков В. Г. 2013. Древние миграции самодийцев и енисейцев в свете генетических данных. *Томский журнал ЛИНГ. и АНТР.\ Tomsk Journal LING &. ANTROPO. 1 (1): 79-96.*

Деревянко А. П. 2005. К вопросу о формировании пластинчатой индустрии и микроиндустрии на востоке Азии. *Археология, Этнография и Антропология Евразии,* 4 (24): 2—29.

Дерябин В. Е., Бескина М. В. 2009. Об антропологических вариантах в составе казахов. *Этнографическое Обозрение, 1*: 79-93.

Дибирова Х.Д. 2011. Роль географической подразделенности и лингвистического родства в формировании генетического разнообразия населения Кавказа. Автореф. дисс. … канд. биолог. наук. Москва**:** РАМН.

Дибирова Х.Д., Балановская Е.В., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Васинская О.А., Почешхова Э.А., Запорожченко В.В., Дружинина Е.Г., Пшеничнов А.С., Раджабов М.О., Теучеж И.Э., Схаляхо Р.А., Захарова Т.А., Евсеева И.В., Дубинецкая Е., Балановский О.П. 2011. Генетический рельеф Кавказа: четыре лингвистико-географических региона по данным о полиморфизме Y хромосомы. *Медицинская генетика, 9 (10)*: 9-18.

Дробышевский С. В. 2010. *Предшественники. Предки?* Ч. VI. *Неоантропы верхнего палеолита (Африка, Ближний Восток, Азия)*. Москва: КомКнига\URSS.

Дробышевский С. В. 2014. Связующая нить ДНК из Мальты: Европа – Сибирь – Америка. http://antropogenez.ru/article/743/

Жущиховская И. С. 2011. Древнейшая керамика: пути технологической инновации. *Вестник ДВО РАН, 1*: 101-110.

Козинцев А. Г. 2004. Кеты, уральцы, ‘американоиды’: интеграция краниометрических и краниоскопических данных. В: Козинцев А. Г. (ред.). *Палеоантропология, этническая антропология, этногенез. К 75-летию Ильи Иосифовича Гохмана*. Санкт-Петербург: МАЭ РАН, с. 172-185.

Козинцев А.Г. 2008. Индонезийцы, индейцы и протоморфные монголоиды Западной Сибири. В: Станюкович М. В. (отв. ред.). *Индонезийцы и их соседи. Festschrift Е.В. Ревуненковой и А.К. Оглоблину (Маклаевский сборник. Вып. 1)*. Санкт-Петербург: МАЭ РАН, с. 355–360.

Козинцев А. Г. 2009. О ранних миграциях европеоидов в Сибирь и Центральную Азию. *Археология, этнография и антропология Евразии 4 (40)*: 125- 136.

Козинцев А. Г. 2012. Из степи в пустыню: ранние европеоиды Восточного Туркестана. В: Длужневская Г.В. и др. (отв. ред.). *Культуры степной Евразии и их взаимодействие с древними цивилизациями. Книга 1*. Санкт-Петербург: ИИМК РАН, с. 122-126.

Козинцев А.Г. 2014. Расшифрован геном верхнепалеолитического ребенка из Мальты. http://antropogenez.ru/article/743/

Козинцев А. Г. 2014а. Европеоиды, монголоиды, австралоиды: стадиальность или метисация? В: Чистов Ю. К. (отв. ред.). *Радловский сборник: научные исследования и музейные проекты МАЭ РАН в 2013 г*. Санкт-Петербург: МАЭ РАН, с. 27-35.

Козинцев А. Г., Селезнева В. А. 2015. Вторая волна миграции европеоидов в Южную Сибирь и Центральную Азию (к вопросу об индоиранском компоненте в окуневской культуре). В: Чистов Ю. К. (отв. ред.). *Радловский сборник. Научные исследования и музейные проекты МАЭ РАН в 2014 г.* Санкт-Петербург: МАЭ РАН, с. 51-62.

Кутуев И. А. 2010. Генетическая структура и молекулярная филогеография народов Кавказа. Автореф. дисс. … докт. биолог. наук. Уфа: УФН РАН.

Литвинов С. С. 2010. Изучение генетической структуры народов Западного Кавказа по данным о полиморфизме Y хромосомы, митохондриальной ДНК и Alu-инсерций. Автореф. дисс. … канд. биолог. наук. Уфа: УФН РАН.

Прохоров К. Н. 2011. Конференция «Изоляты в Африке», Лион, 3—4 декабря 2010 г. *Journal of Language Relationship \ Вопросы языкового родства, 6*: 247—259.

Романчук А. А. 2008. Юев народ и его прародина. В: Пахомов С.В. (отв. ред.). *Четвертые Торчиновские Чтения. Философия, религия и культура стран Востока.* Материалы научной конференции, *Санкт-Петербург, 7-10 февраля 2007 года*. Санкт-Петербург: Изд-во С.-Петерб. ун-та, с. 465-472.

Романчук А.А. 2009. Проблема локализации прародины сино-кавказской языковой общности. *Stratum plus 2005-2009*, *2:* 367-373.

Романчук А. А. 2009а**.** Прародина сино-кавказской языковой общности: Западная или Восточная Азия? В. Пахомов С.В. (отв. ред.). *Asiatica: Труды по философии и культурам Востока*. Вып. 3. Санкт-Петербург: Изд-во С.-Петерб. ун-та, с. 143-154.

Романчук А. А. 2012. Восточноазиатская гипотеза сино-кавказской прародины в свете данных физической антропологии и археологии: к постановке проблемы. *Stratum plus 2012, 1:* 303-329.

Романчук А. А. 2013. Кавкасионский антропологический тип в свете гипотезы «восточной популяции»: вопрос о древности. *Stratum plus 2013, 2:* 259-282.

Романчук А. А. 2015. Восточноевразийская гипотеза дене-кавказской прародины: еще раз к вопросу о гаплогруппах Y-хромосомы. Кишинев: Stratum plus. DOI**:** 10.13140/RG.2.1.4582.5120 https://www.academia.edu/13585140/Romanchuk_A._A._2015._The_East-Eurasian_hypothesis_of_Dene-Caucasian_Motherland_once_again_about_the_haplogroups_of_Y-chromosome

Романчук А. А., Пантелеева Е. Б. 2009. Древнекитайский миф о Стрелке И: Чу или Чжоу? *Stratum plus 2005-2009,* 4: 431—445.

Романчук А. А., Семенов А. С. 2014. R и Q гаплогруппы Y-хромосомы и прасеверокавказский субстрат праиндоевропейцев. *Russian Journal of Biological Research, 2014, Vol. (1), № 1, pp. 46-68.* DOI: 10.13187/ejbr.2014.1.46

Романчук А. А., Семенов А. С. 2015. Гаплогруппы Y-хромосомы и восточноевразийская гипотеза дене-кавказской прародины. http://moldo.org/2nd.php?idm=3&ida=314

Схаляхо Р. А. 2013. Геногеография тюркоязычных народов Кавказа: анализ изменчивости Y-хромосомы. Автореф. дисс. … канд. биолог. наук. Москва: РАМН.

Схаляхо Р.А., Почешхова Э.А., Теучеж И.Э., Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Юсупов Ю.М., Дамба Л.Д., Исакова Ж.Т., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Тагирли Ш.Г., Коньков А.С., Балановская Е.В., Балановский О.П. 2013. Тюрки Кавказа: сравнительный анализ генофондов по данным о Y-хромосоме. *Вестник Московского университета. Серия XXIII (АНТРОПОЛОГИЯ), 2*: 34-48.

Теучеж И. Э. 2013. Геонофонд абхазо-адыгских народов, грузин и армян по данным о полиморфизме Y-хромосомы и фамилий. Автореф. дисс. … канд. биолог. наук. Москва: МГНЦ РАМН.

Теучеж И.Э., Почешхова Э.А., Схаляхо Р.А**.**, Дибирова Х.Д., Агджоян А.Т., Утевская О.М., Кузнецова М.А., Шанько А.В., Коньков А.С., Чиковани Н.Н., Андриадзе Г., Богунов Ю.В., Епископосян Л.М., Балановская Е.В., Балановский О.П. 2013. Генофонды народов Западного Кавказа и Закавказья в евразийском контексте (по данным о полиморфизме Y-хромосомы). *Вестник Московского Университета. Серия XXIII (АНТРОПОЛОГИЯ), 2*: 49-62.

Трофимова Н. В. 2015. Изменчивость митохондриальной ДНК и Y хромосомы в популяциях Волго-Уральского регион. Автореф. дисс. … канд. биолог. наук. Уфа: УНЦ РАН.

Харьков В. Н. 2012. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы. Автореф. дисс. … докт. биолог. наук. Томск: НИИМГ.

Харьков В.Н. и др. 2007. Различия структуры генофондов северных и южных алтайцев по гаплогруппам Y-хромосомы. *Генетика, 43 (5)*: 675–687.

Харьков В. Н., Хамина К. В., Медведева О. Ф. и др. 2013. Структура генофонда тувинцев по маркерам Y хромосомы. *Генетика, 49 (12)*: 1416–1425.

Хохлов А. А., Яблонский Л. Т. 2000. Палеоантропология Волго-Уральского региона эпохи неолита-энеолита. В: *История Самарского Поволжья с древнейших времен до наших дней. Каменный век.* Самара: Издательство Самарского научного центра РАН, с. 278-307.

Юнусбаев Б. Б. 2006. Популяционно-генетическое исследование народов Дагестана по данным о полиморфизме Y хромосомы и Alu–инсерций. Автореф. дисс. … канд биолог. наук. Уфа: УНЦ РАН.

Adams S., Bosch E, Balaresque P. et al. 2008. The genetic legacy of religious diversity and intolerance: paternal lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *American Journal of Human Genetics, 83*: 725–736.

Alonso S, Flores C, Cabrera V, Alonso A, Martin P, Albarran C, Izagirre N, de la Rua C, Garcia O. 2005. The place of the Basques in the European Y-chromosome diversity landscape. *European Journal of Human Genetics, 13*: 1293–1302.

Balanovsky O., Dibirova Kh., Dybo A., Mudrak O., Frolova S., Pocheshkhova E., Haber M., Platt D., Schurr T., Haak W., Kuznetsova M., Radzhaboy M., Balanovskaya O., Druzhinina E., Zakharova T., Hernanz D., Zalloua P., Koshel S., Ruhlen M., Renfrew C., Wells R. S., Tyler-Smith C., Balanovska E. & THE GENOGRAPHIC CONSORTIUM. 2011. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region. *Molecular Biology and Evolution, 28(10)*: 2905–2920.

Balanovsky O., Utevska O., Balanovska E. 2013. Genetics of Indo-European populations: the past, the future. *Journal of Language Relationship \ Вопросы языкового родства, 9*: 23–35.

Balanovsky O, Zhabagin M, Agdzhoyan A, Chukhryaeva M, Zaporozhchenko V, Utevska O, et al. 2015. Deep Phylogenetic Analysis of Haplogroup G1 Provides Estimates of SNP and STR Mutation Rates on the Human Y-Chromosome and Reveals Migrations of Iranic Speakers. *PLoS ONE 10(4)*: e0122968. doi:10.1371/journal.pone.0122968

Bekada A., Fregel R., Cabrera V., Larruga J., Pestano J., Benhamamouch S., Gonzalez A. 2013. Introducing the Algerian Mitochondrial DNA and Y Chromosome Profiles into the North African Landscape. *PLoS ONE 8(2)*: e56775. doi:10.1371/journal.pone.0056775

Capredon M., Brucato N., Tonasso L., Choesmel-Cadamuro V., Ricaut F-X. et al. 2013. Tracing Arab-Islamic Inheritance in Madagascar: Study of the Y-chromosome and Mitochondrial DNA in the Antemoro. *PLoS ONE* 8 (11): e80932. doi:10.1371/journal.pone.0080932

Der Sarkissian C, Balanovsky O, Brandt G, Khartanovich V, Buzhilova A, et al. 2013. Ancient DNA Reveals Prehistoric Gene-Flow from Siberia in the Complex Human Population History of North East Europe. *PLoS Genet 9(2)*: e1003296. doi:10.1371/journal.pgen.1003296

Derenko M. et al. 2014. Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data. *BMC Evolutionary Biology 14:217*. http://www.biomedcentral.com/1471-2148/14/217

Dryer M. 2003. Word Order in Sino-Tibetan languages from a typological and geographical perspective. In: Thurgood G & LaPolla R J (eds.). *The Sino-Tibetan languages*. London & New York: Routledge, 43-56.

Dryer M. 2013. Order of Object and Verb. In: Dryer, Matthew S. & Haspelmath, Martin (eds.) The World Atlas of Language Structures Online. Leipzig: Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology. (Available online at http://wals.info/chapter/83, Accessed on 16.07.2015).

Dryer M. 2013a. Order of Relative Clause and Noun. In: Dryer, Matthew S. & Haspelmath, Martin (eds.) The World Atlas of Language Structures Online. Leipzig: Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology. (Available online at http://wals.info/feature/90A#2/24.2/152.8 Accessed on 08.08.2015).

Firasat S. et al. 2007. Y-chromosomal evidence for a limited Greek contribution to the Pathan population of Pakistan. *European Journal of Human Genetics, 15 (1)*: 121–126.

Fu Q. et al. 2014. Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25341783

Guillaume J., Aimée L. 2005. Review on: Graham Thurgood and Randy J. Lapolla (éd.): The Sino-Tibetan languages. In: *Cahiers de linguistique — Asie orientale, 34 (1)*: 129-137.

Haak W., Lazaridis I. et al. 2015. Massive migration from the steppe is a source for Indo-European languages in Europe. http://biorxiv.org/content/early/2015/02/10/013433

Hassan H., Underhill P., Cavalli-Sforza L., Ibrahim M. 2008. Y-chromosome variation among Sudanese: restricted gene fl ow, concordance with language, geography, and history. *American Journal of Physical Anthropology*, *137*: 316—323.

Herrera K. J., Lowery R. K., Hadden L., Calderon S., Chiou C., Yepiskoposyan L. et al. 2012. Neolithic patrilineal signals indicate that the Armenian plateau was repopulated by agriculturalists. *European Journal of Human Genetics, 20(3)*: 313–20. doi: 10.1038/ejhg.2011.192

Hovhannisyan et al. 2014. Different waves and directions of Neolithic migrations in the Armenian Highland. *Investigative Genetics, 5:15*. doi:10.1186/s13323-014-0015-6

Karafet T., Mendez F., Sudoyo H., Lansing J., Hammer M. 2015. Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia. *European Journal of Human Genetics 23*: 369-373 (March 2015) | doi:10.1038/ejhg.2014.106 http://www.nature.com/ejhg/journal/vaop/ncurrent/full/ejhg2014106a.html

LaPolla R. 2003. Overview of sino-Tibatan Morthosyntax. In: Thurgood G & LaPolla R J (eds.). *The Sino-Tibetan languages*. London & New York: Routledge, 22-42.

Lopez-Parra A., Gusmao L., Tavares L., Baeza C., Amorim A., Mesa M., Prata M., Arroyo-Pardo E. 2009. In search of the preand post-Neolithic genetic substrates in Iberia: evidence from Y-chromosome in Pyrenean populations. *Annals of Human Genetics, 73*: 42–53.

Malyarchuk B. A., Derenko M. V. et al. 2011. Ancient links between Siberians and Native Americans revealed by subtyping the Y chromosome haplogroup Q1a. *Journal of Human Genetics, 56 (8)*: 583–588.

Myres N. M., Rootsi S., Lin A., Järve M, King R., Kutuev I., Cabrera V., Khusnutdinova E., Pshenichnov A., Yunusbayev B., Balanovsky O., Balanovska E., Rudan P., Baldovic M., Herrera R., Chiaroni J., Di Cristofaro J., Villems R., Kivisild T., Underhill P. 2011. A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. *American Journal of Human Genetics, 19*: 95–101.

Nasidze I., Ling E. et al. 2004. Mitochondrial DNA and Y-Chromosome Variation in the Caucasus. *Ann Hum Genet. 68(Pt 3):* 205-221. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15180701

Pereira L. et al. 2010. Linking the sub-Saharan and West Eurasian gene pools: maternal and paternal heritage of the Tuareg nomads from the African Sahel. *European Journal of Human Genetics, 18*: 915–923; doi:10.1038/ejhg.2010.21

Raghavan M. et al. 2014. Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature 505 (02 January 2014)*: 87–91. http://www.nature.com/nature/journal/v505/n7481/full/nature12736.html

Sengupta S., Zhivotovsky L. A., King R, Mehdi S. Q., Edmonds C. A., et al. 2006. Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists. *American Journal of Human Genetics, 78*: 202–221.

Shi H. et al. 2013. Genetic Evidence of an East Asian Origin and Paleolithic Northward Migration of Y-chromosome Haplogroup N. http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0066102

Tarkhnishvili D., Gavashelishvili A., Murtskhvaladze M., Gabelaia M., Tevzadze G. 2014. Human Paternal Lineages, Languages and Environment in the Caucasus. *Human Biology Open Access Pre-Prints.* Paper 54. http://digitalcommons.wayne.edu/humbiol_preprints/54

Tishkoff S., Gonder M. et al. 2007. History of Click-Speaking Populations of Africa Inferred from mtDNA and Y Chromosome Genetic Variation. *Molecular Biology and Evolution, 24 (10)*: 2180—2195.

Trivedi R., Sahoo S. et al. 2007. High Resolution Phylogeographic Map of Y-Chromosomes Reveal the Genetic Signatures of Pleistocene Origin of Indian Populations. In: Reddy B. (ed.). *Trends in molecular anthropology*. Delhi: Kamla-Raj Enterprises, p. 393–414.

Trombetta B. et al. 2015. Phylogeographic refinement and large scale genotyping of human Y chromosome haplogroup E provide new insights into the dispersal of early pastoralists in the African continent. *Genome Biology and Evolution, 7(7)*: 1940–1950. doi:10.1093/gbe/evv118 *http://gbe.oxfordjournals.org/content/early/2015/06/23/gbe.evv118.short?rss=1*

Underhill P. A., Poznik G. D. et al. 2015. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. *European Journal of Human Genetics, 23:* 124–131; doi:10.1038/ejhg.2014.50 http://www.nature.com/ejhg/journal/v23/n1/full/ejhg201450a.html

Vydrin V. 2009. On the Problem of the Proto-Mande Homeland. *Journal of Language Relationship \ Вопросы языкового родства, 1:* 107 – 142.

Yepiskoposean L., Harutyunean A., Khudoyan A. 2006. Genetic testing of language replacement in Southwest Asia. *Iran and the Caucasus, 10(2)*: 191-208.

Young K. et al. 2011. Paternal Genetic History of the Basque Population of Spain. *Human Biology, 83(4)*: 455-475.

Yunusbayev B., Metspalu M., Jarve M., Kutuev I., Rootsi S., Metspalu E. et al. 2012. The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations. *Molecular Biology and Evolution, 29(1)*: 359–65. doi: 10.1093/molbev/msr221

Zhong H. et al. 2011. Extended Y Chromosome Investigation Suggests Postglacial Migrations of Modern Humans into East Asia via the Northern Route. *Molecular Biology and Evolution, 28(1)*: 717–727.

[1] Огромное спасибо за помощь Е. Ю. Звереву, выполнившему все карты в этой работе.

[2] Характеризуя этот, т.н. «сибиро-китайский поздний верхний палеолит», А. П. Деревянко пишет: «За последние 80 лет археологами на территории Сибири, Монголии, Китая, Японии, Кореи, Америки и др. регионов открыты сотни археологических местонахождений, относящихся к [диапазону] 30-10 тыс. л. н. Исследованные стоянки характеризуются особым пластинчатым технокомплексом и определенным единством признаков первичного расщепления, вторичной обработки, а также сочетанием определенных типов каменных орудий … этого удивительного индустриального технокомплекса, многие сходные черты которого прослеживаются на огромном пространстве восточной части Евразии …» (Деревянко 2005: 2).

[3] Хочу выразить признательность М. С. Драйеру и вообще коллективу WALS за разрешение использовать данную карту в качестве иллюстрации.

[4] Данное соображение – именно, о незначительности проявления у аустро-азиатских народов Индии в сравнении с дравидами, следует иметь в виду и в отношении гаплогрупп R2 и R1a1. Вопреки тем исследователям, которые еще и сегодня пытаются связать происхождение этих двух субклад с Индостаном, мы видим, что их частоты у аустро-азиатских народов Индии весьма незначительны в сравнении с дравидами. По (Trivedi et al. 2007: 398, tab. 2a), у носителей аустро-азиатских языков в Индии в целом частота R2 — 1,4% (против 21% у дравидов и 14% у индоевропейских народов Индии), и R1a1 — 0,7% (подробнее: Романчук 2015: 85-86).

Представляется несомненным, что в случае возникновения R2 и R1a1 на территории Индостана картина была бы иной.

[5] Именно в Северо-Восточной Африке – районе Африканского Рога, гаплогруппа T, вообще достаточно редкая, проявляет более выраженную частоту — в некоторых выборках сомалийцев даже до 80%; более репрезентативные выборки (115-125 человек) из этого региона все же дают частоту порядка 11-14%. Однако гаплогруппа T присутствует, хоть и крайне редко, и в западных регионах Северной Африки. По (Bekada et al. 2013: Suppl.) гаплогруппа T отмечена только в Тунисе, 1,16% (выборка – 601 человек); по Capredon et al. 2013: 7) – и в Марокко.

Согласно (Pereira et al. 2010: 920) – она (точнее, K(xP, O) – но в данном случае, при дальнейшем типировании скорее всего будет обнаружена именно гаплогруппа T) представлена и у некоторых групп ливийских туарегов (5,6%);

У народов нигер-конголезской макросемьи в суб-Сахаре гаплогруппа T практически отсутствует (de Filippo et al. 2011: Suppl.).

[6] И, при всех имеющихся сомнениях и неясностях (Романчук 2015: 96-97, 101-102), все же на сегодняшний день я склоняюсь к точке зрения, что и гаплогруппа R- V88 в Африке была изначально связана с носителями OV-языков, лишь позднее ассимилированными представителями VO-модели.

[7] В качестве заслуживающего здесь внимания обстоятельства хотел бы еще добавить, что «Если в Восточной Азии происходит постепенное становление и совершенствование технологических и эстетических стандартов керамической посуды, то в разных областях Северной Африки продукция раннего гончарства показывает вполне сформировавшиеся традиции. Исследователи пока не дают объяснения этому факту … Это наводит на мысль о вероятности не выявленных еще этапов предшествующего развития ранней керамики. Вполне возможно, что в дальнейшем будут обнаружены и более древние комплексы, что приблизит нижнюю временную границу появления керамики в этом районе мира к тем ранним датам, которые получены сегодня для Восточной Азии» (Жущиховская 2011: 107).

[8] Археологические данные свидетельствуют о первых следах проникновения носителей традиции «пластинчатой индустрии, приобретающей характер микроиндустрии» (Деревянко 2005: 17, 26) на территорию Китая с территории Южной Сибири и Монголии еще около 28 ТЛН — этим временем датируются наиболее ранние памятники, Чжиюй (Шиюй) и Шуйдунгоу. Однако в целом, на территории Китая традиция пластинчатой микроиндустрии получает широкое распространение после рубежа 20 ТЛН («моложе 20 тыс. л.н.») (Деревянко 2005: 22).

[9] ИГК – интегральная главная компонента. В данном случае подразумевается, что на первом этапе исследования данные краниоскопии (т.е., дискретные признаки) были подвергнуты анализу методом главных компонент, а данные краниометрии (т.е., измерительные признаки) – каноническому анализу со стандартной внутригрупповой корреляционной матрицей. На

втором этапе информация от обеих независимых систем (краниоскопии и краниометрии) была интегрирована. Для этого первые главные компоненты и канонические вектора были использованы в качестве новых признаков, и на их основе был вновь проведен анализ главных компонент (Козинцев 2004).