RA04

TRINÁSTY KMEŇ A DISKUSIA O PÔVODE

Kniha, hypotéza a skúška dôkazov

ÚPLNÁ PRAMENNÁ ŠTÚDIA

Kritické čítanie hypotézy o chazarskom pôvode Aškenázov a jej použitia v Beterovom výklade.

Koestler · Chazari · jidiš · genetika · Beter

Tempus omnia revelat.

Prvé vydanie · 11. október 2026 · v1.0

www.peterdavidbeter.com · Me & Zen · Colombine Michelangelo

Obsah

Čo tento diel skúma 3
Metóda, rozsah a prístup k zdrojom 4
01 / Kniha z roku 1976 a otázka, ktorú otvorila 5
02 / Reťaz tvrdení má viac než jeden článok 6
03 / Chazaria: miesto, štát a rôznorodá populácia 7
04 / Jidiš: kontakt nie je úplný rodokmeň 8
05 / Demografická hádanka potrebuje menovatele 9
06 / Tri významy slova pôvod 10
07 / Tri genetické okná, nie tri úplné dejiny 11
08 / Elhaik 2013: hypotéza a jej zástupné populácie 12
09 / Behar 2013: širší panel a presný dosah záveru 13
10 / Porovnanie bez falošnej rovnováhy 14
11 / GPS: zemepisná súradnica nie je rodná obec predkov 15
12 / Materské línie: čo znamená európsky výsledok 16
13 / Otcovská vetva R1a: rozlíšenie mení záver 17
14 / Zakladateľský efekt nie je sčítanie obyvateľov 18
15 / Miešanie v čase: dva problémy jedného percenta 19
16 / Erfurt: stredoveké DNA namiesto iba dnešných zástupcov 20
17 / Farebné grafy nie sú pôvodné národy 21
18 / Ako by vyzeral silnejší test chazarského príspevku 22
19 / Beter: citovanie knihy a dodatočná politická téza 23
20 / Záver: presnosť bez predstieranej úplnosti 24
Porovnanie štúdií / I 25
Porovnanie štúdií / II 26
Register tvrdení / C01–C05 27
Register tvrdení / C06–C10 28
Chronológia 29
Slovníček 30
Pramene / S01–S05 31
Pramene / S06–S10 32
Pramene / S11–S14 33
Pramene / S15–S18 34
Čitateľský postup a údaje o vydaní 35

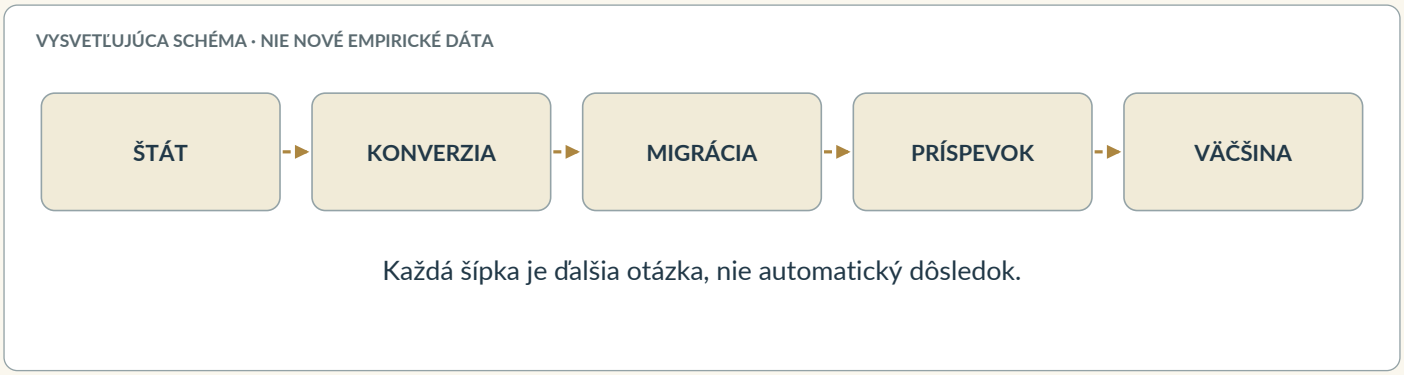
Čo tento diel skúma

RA04 sa pýta, ako sa z tvrdenia o stredovekej konverzii stáva tvrdenie o pôvode neskoršej populácie. V centre stojí Koestlerova kniha z roku 1976, na ktorú Beter výslovne odkazuje v tretej téme AL50. Predmetom skúmania nie je hodnota ľudí ani právo určovať im identitu zvonka. [S01–S03]

Základná otázka má viac stupňov: existoval chazarský štát; prijali niektorí jeho obyvatelia judaizmus; odišli ich potomkovia do iných komunít; tvorili rozhodujúcu časť predkov Aškenázov? Každý stupeň vyžaduje ďalší doklad. Politická organizácia, náboženská príslušnosť a populačný pôvod nie sú zameniteľné veličiny.

Vybrané genetické práce podporujú zmiešaný európsky a blízkovýchodný pôvod aškenázskej populácie. Elhaik predložil odlišný výklad podporujúci chazarskú hypotézu; preto porovnávame aj jeho predpoklady s kritikou a ďalšími dátami. Nie je to súboj dvoch rovnako jednoduchých rodokmeňov. [S06, S07, S10–S12]

Výsledkom je rozlíšenie medzi dobre podloženými širšími väzbami, neistým príspevkom konkrétne pomenovanej stredovekej populácie a tvrdeniami, ktoré z genetiky vôbec nevyplývajú. Záver „nepreukázané“ neznamená presnú nulu; možnosť jednotlivého predka zase nepreukazuje väčšinový pôvod.



Prítomnosť možnosti, veľkosť príspevku a politická kontinuita sú tri odlišné otázky.

Zdroje / poznámky: S01, S02, S03, S06, S07, S10, S11, S12

Metóda, rozsah a prístup k zdrojom

Toto je výberová pramenná a metodická analýza, nie systematický prehľad všetkých publikácií ani nová analýza surových genómov. Výpočty v príkladoch sú didaktické. Nevydávame ich za výsledky merania aškenázskej alebo chazarskej populácie. Uzávierka použitých zdrojov je 11. október 2026; dátum neznamená, že každý odbor má definitívne uzavreté otázky.

Koestler bol čítaný v dostupnom elektronickom prepise, najmä v argumentačných pasážach a dodatkoch. Prepis nebol celý kolacionovaný s prvým tlačeným vydaním. Cudzí úvod a hodnotiace tvrdenia hostiteľského webu nepoužívame ako Koestlerove slová ani ako odborné doklady. Preto uvádzame názvy častí, nie predstierané presné strany originálu. [S01, S02]

Pri Beharovej práci z roku 2013 používame autorský abstrakt v univerzitnom repozitári. Pri odpovedi Dasovho tímu z roku 2016 ide o abstrakt preprintu. Ostatné použité odborné texty a dostupné časti sú rozlíšené v registri. Názov článku v zozname nie je sám osebe dôkazom prečítania všetkých príloh. [S07, S13, S17]

Znenie prameňa, autorov výklad a naše hodnotenie oddeľujeme. Krátke citované označenia zostávajú označeniami autora; ostatný text je vlastná parafráza alebo analýza. Ilustrovaná edícia skracuje výklad, nesmie však zvyšovať istotu jeho záverov. Historická hypotéza sa netestuje hlasovaním podľa sympatií k autorom.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Prvé redakčné vydanie s pomocou AI; nie recenzovaná monografia ani laboratórna replikácia.**

Zdroje / poznámky: S01, S02, S07, S13, S17

01 / Kniha z roku 1976 a otázka, ktorú otvorila

Arthur Koestler vydal The Thirteenth Tribe: The Khazar Empire and Its Heritage v roku 1976. Americké vydanie Random House má podľa katalógu 255 strán. Nejde o genomickú štúdiu; dnešné výsledky preto nemožno pripísať jeho vtedajšiemu dokazovaniu. [S02]

Jeho ústredná hypotéza prisudzovala chazarským potomkom zásadný, až väčšinový podiel na pôvode východoeurópskych Židov. V úvodnom zdôvodnení dúfal, že takýto výklad oslabí rasové základy antisemitizmu. [S01]

Tu oddeľujeme dve otázky. Prvá je empirická: aký historický proces a aké dáta by predpokladaný podiel podporili? Druhá je etická: musí sa nenávisť k ľuďom vyvracať zmenou ich rodokmeňa? Odpoveď na druhú otázku nemá závisieť od úspechu prvej. Prenasledovanie je neprijateľné aj vtedy, keď sa historická predstava o pôvode ukáže správna.

Knihu je užitočné čítať ako vplyvnú argumentáciu, nie ako pôvodný register narodení. Čitateľ by si mal osobitne označovať opísanú udalosť, sprostredkovanú správu, pravdepodobnú rekonštrukciu a odvážny odhad. Práve prechod medzi týmito úrovňami, nie samotná nezvyčajnosť témy, rozhoduje o kvalite dôkazu.

Rovnaké pravidlo platí pre kritikov: absencia dnešného súhlasu nevymaže knihu z dejín diskusie. Jej historický význam však nenahrádza test jej populačného záveru.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Úmysel autora nevyrieši empirickú otázku. Empirický výsledok neurčuje ľudskú dôstojnosť.**

Zdroje / poznámky: S01, S02

02 / Reťaz tvrdení má viac než jeden článok

Dodatok o modernej literatúre ukazuje, že Koestler nadväzoval aj na D. M. Dunlopa a A. N. Poliaka. V tejto štúdii ich použitie opisujeme podľa Koestlera; netvrdíme, že sme tým nezávisle preverili všetky ich pôvodné knihy. [S01]

Zostavme analytickú reťaz bez preskakovania: politický štát → náboženská konverzia → migrácia → reprodukčný príspevok → väčšinový pôvod. Šípka tu označuje otázku, nie už preukázaný následok. Napríklad dôkaz, že určitý vládca bol Židom, neurčuje počet konvertitov; počet migrantov neurčuje ich neskorší podiel bez údajov o ostatných komunitách.

Ani veľký počet knižných odkazov sa automaticky nerovná veľkému počtu nezávislých svedectiev. Ak moderný autor preberie správu zo staršej monografie, ktorá opakuje jediný stredoveký text, stále ide o jednu vetvu pramennej tradície. Opakovanie môže zvýšiť známosť tvrdenia, nie počet udalostí, ktoré boli priamo zaznamenané.

Pri každom prechode preto kladieme otázku, aký údaj chýba. Potrebujeme čas, miesto, identifikáciu skupiny, počty alebo aspoň obhájiteľné intervaly a porovnanie s inými migračnými zdrojmi. Rozumný postup pripúšťa, že prvé dva články môžu mať inú mieru opory než posledné dva.

Politická kontinuita by vyžadovala ešte ďalšiu, oddelenú reťaz: inštitúcie, konkrétnych aktérov, komunikáciu a rozhodnutia. Rodinný pôvod ju nenahrádza.

VYSVETĽUJÚCA SCHÉMA · NIE NOVÉ EMPIRICKÉ DÁTA

Každá šípka je ďalšia otázka, nie automatický dôsledok.

> **Jeden pravdivý článok reťaze nepotvrdzuje automaticky celý príbeh.**

Zdroje / poznámky: S01, S18

03 / Chazaria: miesto, štát a rôznorodá populácia

Dan Shapira opisuje Chazarov v Encyclopaedia Iranica ako mnohonárodnú konfederáciu vedenú turkickou skupinou. Pri judaizácii rozlišuje vládnuci okruh a širšie obyvateľstvo; rozsah konverzie označuje za neznámy. Takýto opis už sám varuje pred predstavou jediného homogénneho „chazarského genómu“. [S18]

Pre genetickú hypotézu je zásadné stanoviť, o kom vlastne hovoríme. O obyvateľovi mesta? Členovi politickej elity? Turkicky hovoriacom kočovníkovi? Židovskom prisťahovalcovi do ríše? Tieto kategórie sa môžu prekrývať, ale nie sú totožné. Miesto nálezu kostry v niekdajšom kaganáte samo osebe neurčuje náboženstvo ani pôvod človeka.

Dôkaz migrácie do Chazarie zároveň nie je dôkazom opaku pôvodu z Blízkeho východu: osoba mohla do ríše prísť zvonka a jej potomok z nej neskôr odísť. Model „Chazari alebo Levanta“ preto môže nesprávne vylučovať dve fázy tej istej rodinnej histórie. Pred začiatkom testu treba určiť časový horizont.

Ani odmietnutie predstavy o plošnej konverzii by nedokazovalo, že žiadny konvertita nikdy nemal potomkov inde. A potvrdenie židovského vládcu by nepreukázalo masový populačný presun. V RA01 je rozobrané historické jadro; tu sledujeme, ktoré dodatočné predpoklady sú potrebné na záver o neskoršej väčšine.

Otázka nie je, či sa ľudia mohli presúvať, ale aký konkrétny presun vysvetľuje dostupné doklady lepšie než alternatívy.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Územný názov sa nesmie bez testu zmeniť na biologickú populáciu.**

Zdroje / poznámky: S18, S04

04 / Jidiš: kontakt nie je úplný rodokmeň

Jazykové dôkazy sú dôležité, ale musia zostať jazykovými dôkazmi. Marion Aptroot zdôrazňuje germánsku gramatickú stavbu jidiš a doložené stredoveké používanie mena Aškenáz pre nemecké oblasti. Slovanské kontaktné prvky tento základ samy nevyvracajú. V polemike reaguje aj na Wexlerovu predstavu prelexifikovaného slovanského jazyka. [S05]

Rozhodujúce nie je spočítať všetky prevzaté slová a vyhlásiť víťaza. Historická jazykoveda porovnáva pravidelné vzťahy medzi tvarmi, gramatiku, staršie texty a časovo doložené kontakty. Písmo je ďalšia samostatná rovina: používanie hebrejských písmen neznamená, že jidiš patrí do tej istej jazykovej vetvy ako hebrejčina.

Z germánskeho jazyka jeho hovoriacich však nevyplýva výlučne germánsky rodokmeň. Skupina môže prijať reč susedov, zatiaľ čo časť starších predkov pochádzala odinakiaľ. Rovnako preukázaný genetický príspevok z inej oblasti automaticky nezmení klasifikáciu jazyka. Tieto dve disciplíny môžu spolupracovať iba bez kruhového dokazovania.

Pri podobnosti miestnych názvov treba poznať staršie zápisy a datovanie. Samotné znenie pripomínajúce Aškenáz nie je migračný záznam. Ak sa genetická lokalizácia interpretuje podľa domnelej etymológie a tá istá etymológia sa potom obháji genetickou lokalizáciou, nevznikli dva nezávislé dôkazy.

Pre náš výklad je preto jidiš dôkazom dejín jazykového kontaktu, nie univerzálnym detektorom chazarských predkov.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Písmo ≠ jazyková rodina ≠ úplný pôvod hovoriacich.**

Zdroje / poznámky: S05, S14, S15

05 / Demografická hádanka potrebuje menovatele

Argument o „príliš rýchlom raste“ populácie má zmysel iba pri overiteľných východiskových číslach. Aptroot upozorňuje na neúplné a nespoľahlivé staršie údaje o počtoch ľudí. Záznam daňovníkov, domácností alebo osád nie je bez prepočtu súpisom celej populácie. [S05]

Didaktický príklad: predpokladajme 50 000 ľudí na začiatku a 5 000 000 po 400 rokoch. Pri čisto exponenciálnom modeli by stonásobný rast vyžadoval priemerný čistý prírastok približne 1,158 % ročne: r = 100^(1/400) − 1. Čísla sme zvolili pre vysvetlenie. Nie sú odhadom konkrétnej židovskej populácie ani tvrdením, že takto prebiehali jej dejiny.

Výpočet nič nehovorí o reálnej úmrtnosti, epidémiách, nútených presunoch či migrácii. Ukazuje iba, že slovo „nemožné“ sa musí premeniť na test predpokladov. Z matematickej možnosti rastu nevyplýva skutočnosť; z neúplného počtu na začiatku zase nevyplýva nevyhnutnosť jediného konkrétneho migračného zdroja.

Správny historický model by potreboval rovnaké územie a definíciu populácie na oboch koncoch, údaje o migrácii, rodinách a stratách a intervaly neistoty. Zmenené hranice sčítania môžu vytvoriť zdanlivý rast bez narodenia jediného človeka navyše.

Ani úspešná demografická rekonštrukcia neurčí sama náboženstvo či etnické meno predkov; tie treba doložiť iným druhom prameňa.

VYSVETĽUJÚCA SCHÉMA · NIE NOVÉ EMPIRICKÉ DÁTA

50 000 → 5 000 000

400 rokov · 100-násobok · r ≈ 1,158 % ročne

Čisto hypotetický model; nie odhad historickej populácie.

> **Didaktický model, nie historické meranie: 50 000 × (1 + r)^400 = 5 000 000.**

Zdroje / poznámky: S05

06 / Tri významy slova pôvod

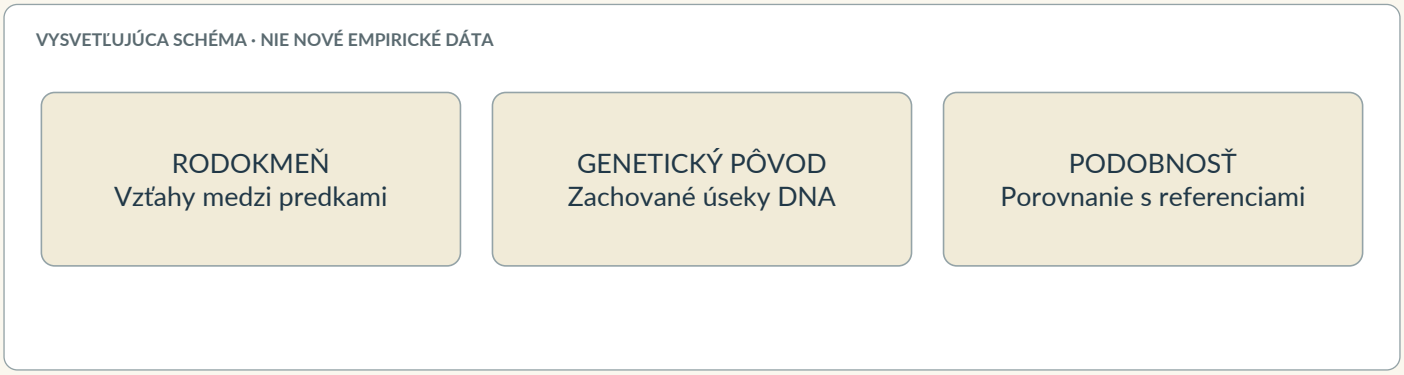
Mathieson a Scally rozlišujú genealogický pôvod, genetický pôvod a genetickú podobnosť. Genealógia sa týka predkov v rodokmeni; genetický pôvod ciest, ktorými sa preniesli úseky DNA; podobnosť porovnania skúmaných genómov. Výsledok porovnania nie je kompletným zoznamom konkrétnych predkov. [S04]

Vzdialený genealogický predok nemusel zanechať identifikovateľný úsek DNA práve u skúmaného človeka. Preto výrok „metóda nezistila príspevok“ nie je automaticky výrokom „nikto taký sa v jeho rodokmeni nenachádzal“. Opačná chyba je podobne vážna: možný vzdialený predok neoprávňuje tvrdiť, že z určitej skupiny pochádza väčšina genómu.

Keď sa používa zemepisné označenie, treba pridať čas. Predok žijúci v talianskom meste v stredoveku mohol mať starších predkov vo východnom Stredomorí. Označenia „taliansky“ a „blízkovýchodný“ sa pri rôznych časových horizontoch nemusia vylučovať. Súčasný referenčný súbor nie je zmrazenou starovekou populáciou.

Z praktického hľadiska treba každé percento doplniť otázkou: percento čoho? Jednej materskej línie, podielu klasifikovaných úsekov, genealogických vetiev alebo priemeru vzorky? Bez tejto informácie je aj presne vyzerajúce číslo neúplným tvrdením.

Náboženský status a občianstvo do tohto trojčlenenia nepatria ako štvrtá genetická metrika. Sú to odlišné spoločenské a inštitucionálne otázky, ktoré nemožno rozhodnúť grafom podobnosti.



Nezistený genetický signál a nemožný genealogický predok nie sú synonymá.

Zdroje / poznámky: S04

07 / Tri genetické okná, nie tri úplné dejiny

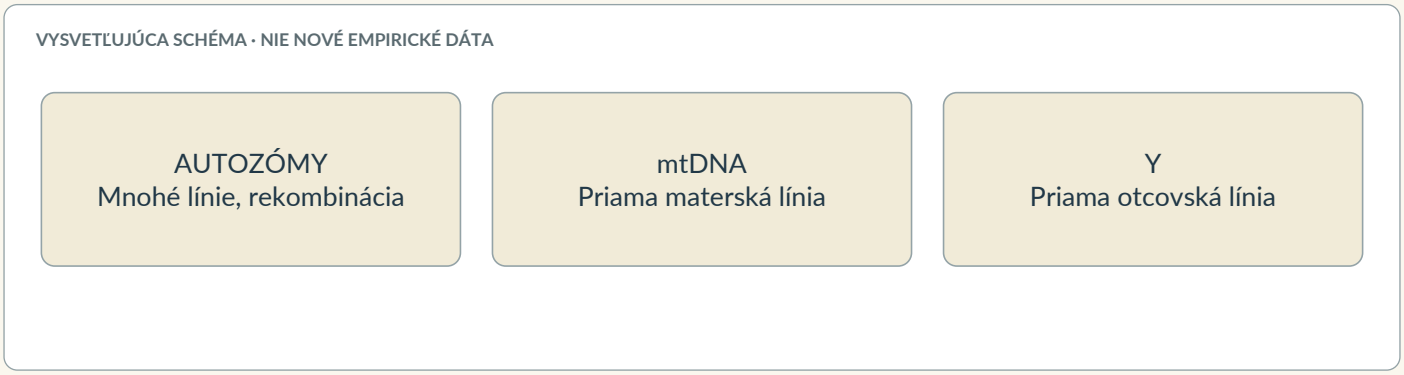
Autozomálne údaje sledujú veľkú časť genómu zdedenú cez početné rodové línie. Mitochondriálna DNA sa používa na sledovanie priamej materskej línie; nerekombinujúca časť chromozómu Y na sledovanie priamej otcovskej línie. Výskumy Costa, Rootsi a Xue preto nekladú celkom rovnakú otázku. [S08, S09, S11]

Predstavme si človeka, ktorého priama materská línia vedie cez osem generácií k jednej žene. Táto žena je iba jednou pozíciou v rodokmeni, v ktorom sa vetvy opakovane krížia. Zistenie o jej mitochondriálnej línii nevyplní všetky ostatné pozície. Ani chromozóm Y jedného muža nepredstavuje rodinnú históriu jeho matky.

Haploskupina je vetva genetickej príbuznosti označená spoločnými variantmi. Jej široké meno môže zahŕňať veľmi staré rozdelenia a veľké územie. Rozhoduje aj jemnejšie členenie: výsledok pre R1a vo všeobecnosti sa nemusí rovnať výsledku pre jednu konkrétnu podvetvu R1a. [S09]

Pri porovnávaní štúdií preto treba prečítať jednotku merania skôr než záverečný titulok. Zdanlivý rozpor medzi prevažne európskymi materskými líniami a zmiešaným autozomálnym pôvodom môže byť dôsledkom rôznych dejín mužských a ženských línií, nie automaticky dôkazom podvodu.

To však nie je licencia ľubovoľne si skladať výsledky. Vhodný spoločný model musí rešpektovať vzorkovanie, časové odhady a neistotu každej práce. Nezískame ho priemerovaním troch neporovnateľných percent.



Mitochondriálna DNA, chromozóm Y a autozómy majú odlišný záber.

Zdroje / poznámky: S04, S08, S09, S11

08 / Elhaik 2013: hypotéza a jej zástupné populácie

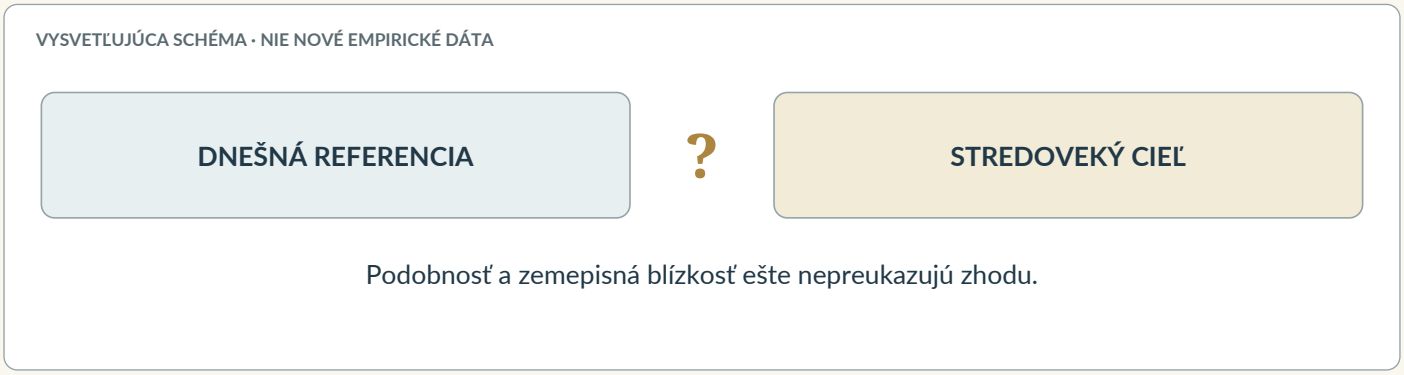
Eran Elhaik analyzoval súbor 1 287 nepríbuzných jednotlivcov z ôsmich židovských a 74 nežidovských populácií. Autozomálny súbor mal pôvodne 531 315 markerov; po znížení väzieb medzi markermi sa pre väčšinu analýz používalo 221 558. Jeho záver podporoval chazarskú hypotézu a opisoval zložený pôvod, nie výlučne jedinú biologickú vetvu. [S06]

Kľúčový krok bol interpretačný: dnešné arménske a gruzínske vzorky používal ako zástupcov Chazarov a palestínske ako zástupcov starších judejských predkov. To sú predpoklady modelu. Nie sú priamym genetickým meraním obyvateľov stredovekého kaganátu ani automatickým preukázaním nemennosti populácií. [S06]

Čitateľ má právo vidieť dôvod príťažlivosti takéhoto pokusu: súčasné dáta umožňujú testovať podobnosti, ktoré staršia kniha nemohla merať. Má však tiež právo vedieť, či zvolená podobnosť rozlišuje práve chazarský príspevok od staršieho spoločného západoázijského pôvodu.

Naše hodnotenie preto nehovorí „publikácia neexistuje“ ani „genetika potvrdila presne Koestlera“. Ide o zverejnenú analýzu s interpretáciou závislou od zástupných vzoriek. Na presvedčivý test by bolo treba ukázať, že výsledok zostáva špecifický aj pri iných rozumných paneloch a konkurenčných dejinných modeloch.

Kritika sa má týkať tejto rozlišovacej schopnosti. Osobný pôvod výskumníka ani sympatie k jeho záveru nie sú meradlom správnosti.



> **Zástupná vzorka je nástroj testu, nie už dokázaná identita historických predkov.**

Zdroje / poznámky: S06, S07

09 / Behar 2013: širší panel a presný dosah záveru

Behar a spoluautori uvádzajú 1 774 vzoriek zo 106 populácií, vrátane 261 nových vzoriek z 15 populácií Kaukazu a jeho severného okolia. V abstrakte opisujú najväčšie aškenázske väzby k iným židovským populáciám a medzi nežidovskými skupinami k Európe a Blízkemu východu. Nezistili osobitný významný príspevok z predpokladanej chazarskej oblasti. [S07]

Autori zároveň pomenúvajú problém, ktorý sa pri popularizácii často stratí: Chazari nemajú jednoznačne určenú súčasnú referenčnú populáciu. Podobnosť s kaukazskou vzorkou môže odrážať staršie spoločné blízkovýchodné väzby, nie práve stredovekú konverziu a následnú migráciu. [S07]

V tejto edícii máme prístup k autorskému abstraktu a bibliografickému záznamu, nie k úplnej detailnej reanalýze každého doplnku. Preto nepridávame vlastné presné intervaly „chazarského percenta“ ani netvrdíme, že sme zopakovali autorov výpočet.

Dôležitá je sila aj hranica negatívneho výsledku. Širší regionálny panel oslabuje konkrétny argument založený na vybraných dnešných zástupcoch. Neoprávňuje však vymazať všetkých možných jednotlivých chazarských predkov z každého rodokmeňa. Formulácia o neprítomnosti významného signálu nie je univerzálny výrok o nulovom počte predkov.

Publikácia teda nie je jednoduchým zrkadlovým obrazom Elhaikovho článku. Pokúša sa odstrániť časť nejednoznačnosti referenčného panelu, hoci základný problém historickej identifikácie tým úplne nezaniká.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Nezistený významný príspevok nie je dôkazom absolútnej genealogickej nuly.**

Zdroje / poznámky: S07, S04

10 / Porovnanie bez falošnej rovnováhy

Keď dve práce dospejú k rôznym záverom, netreba ich výsledky spriemerovať ani vybrať autora podľa mena. Najprv zistime, či testujú rovnaké tvrdenie. Elhaik používa určité dnešné populácie ako zástupcov; Beharov širší panel spochybňuje špecifickosť takejto interpretácie. [S06, S07]

Počet vzoriek nie je jediným kritériom. Väčší panel s nesprávnymi zástupcami by mohol stále odpovedať na nesprávnu otázku. Na druhej strane širšie a relevantnejšie regionálne pokrytie môže odhaliť, že zdanlivo výlučná podobnosť nebola výlučná vôbec. Treba sa pýtať na citlivosť výsledku na výber populácií a spôsob analýzy.

Naša hodnotiaca otázka znie: dokáže model rozlíšiť chazarský príspevok od alternatív, ktoré vytvárajú podobné údaje? Pri zmiešanom západoeurázijskom pôvode nestačí nájsť bod medzi Európou a Kaukazom. Potrebné sú predikcie, pri ktorých sa konkurenčné historické modely skutočne rozchádzajú.

Neskoršie autozomálne a stredoveké dáta poskytujú ďalšie obmedzenia. Neposkytujú jednoduchú reprodukciu každej vety staršej polemiky, ale umožňujú testovať, či navrhovaný príbeh zapadá aj do nezávisle datovaných ľudí a do priebehu miešania. [S10–S12]

Vážiť dôkazy preto neznamená dať každej hypotéze rovnakú pravdepodobnosť. Znamená to vysvetliť, prečo určitý výsledok rozlišuje medzi možnosťami lepšie, a presne ohraničiť, čo ešte nerozlíšil.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Objektívnosť je rovnaký test predpokladov, nie povinné rozdelenie pravdy napoly.**

Zdroje / poznámky: S06, S07, S10, S11, S12

11 / GPS: zemepisná súradnica nie je rodná obec predkov

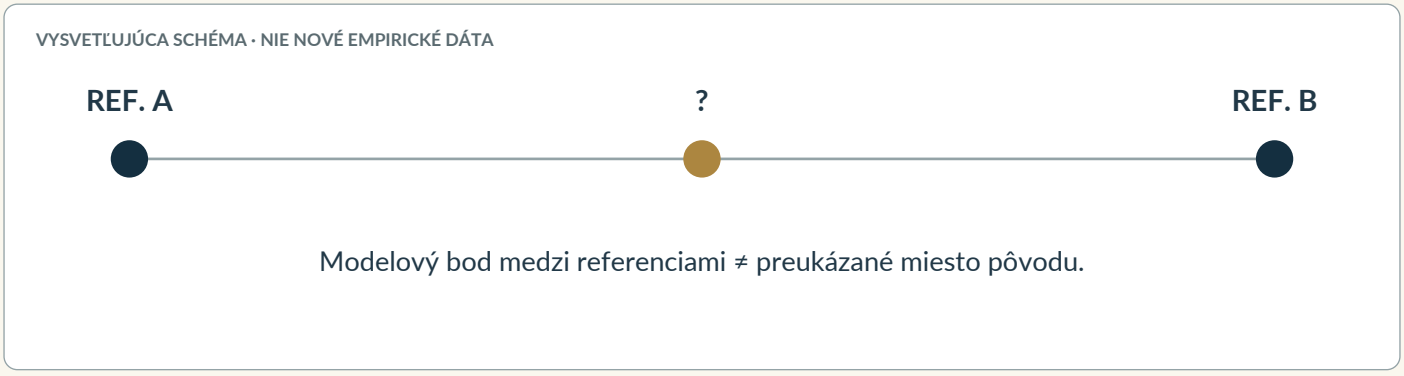
Das, Wexler, Pirooznia a Elhaik spojili v roku 2016 genetickú geolokalizáciu s hypotézou o pôvode jidiš; v odpovedi opisujú 367 aškenázskych účastníkov a umiestnenie mnohých výsledkov do severovýchodného Turecka. Ich perspektívny článok z roku 2017 obhajuje iránsko-turkicko-slovanský výklad a odpovedá kritikom. Toto stanovisko preto nepredstavujeme ako hlas, ktorý sa nesmel publikovať. [S13, S15, S17]

Flegontov a spoluautori namietajú, že GPS pracujúce s modernými referenciami nie je strojom na spätné sledovanie tisícročnej migrácie. Upozorňujú aj na jazykovú argumentáciu; Aptroot osobitne rozoberá jidiš a historické používanie mena Aškenáz. [S14, S05]

Jednoduchá analytická námietka: priemer polôh dvoch príbuzných referenčných skupín môže ležať na mieste, kde sa ich predkovia nikdy nestretli. Zmena referenčného panelu môže posunúť bod bez toho, aby sa zmenili dejiny skúmaného človeka. To neznamená, že geolokalizácia je vždy zbytočná; znamená to, že jej časový význam treba preukázať.

Obhajoba metódy a námietky musia byť čítané spolu. Tu nevykonávame nový beh GPS a nerozhodujeme podľa počtu citácií. Pýtame sa, či dáta obsahujú informáciu potrebnú na tvrdenie o konkrétnej stredovekej obci, a či jazykový dôkaz zostáva nezávislý od zvoleného bodu.

Súradnica bez overenej časovej rekonštrukcie nie je adresou dávneho predka.



Vážený priemer dnešných polôh môže vzniknúť aj bez migrácie cez výsledný bod.

Zdroje / poznámky: S13, S14, S15, S17, S05

12 / Materské línie: čo znamená európsky výsledok

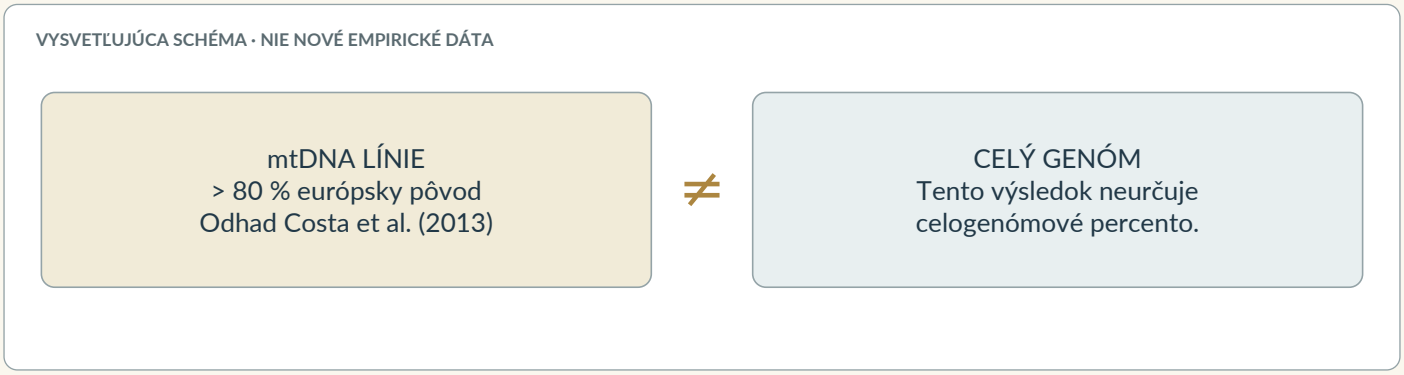
Costa a spoluautori v roku 2013 skúmali mitochondriálne línie aškenázskej populácie. Štyri hlavné zakladateľské línie, spojené približne so 40 % jej mitochondriálnej variability, odvodzovali od európskych pravekých vetiev. V širšom odhade navrhli európsky pôvod pre viac než 80 % aškenázskych mitochondriálnych línií. [S08]

Takýto záver sa nesmie prepísať na „80 % všetkých predkov“ ani „80 % celého genómu“. Jednotkou je mitochondriálna línia. Výsledok zároveň nie je potvrdením chazarskej hypotézy iba preto, že zdôrazňuje pôvod mimo Blízkeho východu. Európa nie je synonymom Chazarie.

Autori svoje zistenia diskutujú voči staršiemu návrhu blízkovýchodných materských zakladateliek. V tejto edícii nepredstierame samostatnú reanalýzu týchto stromov. Dôležité je, že pôvod vetvy, jej vek a čas vstupu do konkrétnej komunity predstavujú rozdielne otázky. Starý spoločný predok línie nie je dátumom náboženskej konverzie. [S08]

Ako by vyzerala primeraná popularizácia? Pomenovala by skúmaný marker, vzorky a časovú neistotu. Potom by vysvetlila, prečo sa výsledok môže zlučovať s odlišnými otcovskými a autozomálnymi dejinami. Nepoužila by ho na vymazanie všetkých blízkovýchodných väzieb ani na vyhlásenie náboženskej identity za falošnú.

Rovnako by sa európsky podiel nemal zamlčiavať len preto, že niekomu nevyhovuje. Správnou odpoveďou je presný menovateľ, nie výber priaznivých čísel.



> **> 80 % mitochondriálnych línií ≠ > 80 % celého genómu.**

Zdroje / poznámky: S08, S04

13 / Otcovská vetva R1a: rozlíšenie mení záver

Rootsi a spoluautori skúmali v roku 2013 jemnejšie vetvenie chromozómu Y u aškenázskych levitov. Všeobecné meno R1a bolo predtým spájané s možným východoeurópskym zdrojom. Ich sekvenovanie a sledovanie markeru M582 však podporilo blízkovýchodný zdroj konkrétnej zakladateľskej vetvy. [S09]

Tento príklad je užitočný metodicky: rovnaká široká haploskupina môže obsahovať odlišné podvetvy s rozdielnou históriou. Nevyplýva z neho, že každá R1a je blízkovýchodná alebo že každý aškenázsky muž má túto líniu. Predmetom práce je určitý otcovský rodový okruh, nie celé obyvateľstvo.

Ani zhoda biologickej línie so zdedeným náboženským označením neidentifikuje automaticky menovaného biblického predka. Laboratórny výsledok môže podporiť spoločný otcovský pôvod určitej skupiny, ale historické meno vyžaduje vlastnú dôkaznú reťaz. Hlboké spoločné predkovstvo a konkrétny rodokmeň nie sú rovnaký výstup.

Pre chazarskú hypotézu je dôležitý rozdiel medzi námietkou proti jednej podpore a vyvrátením každej možnosti. Ak jemnejšie členenie oslabí konkrétny východoeurópsky argument pre túto líniu, ešte tým neprepočíta celý autozomálny pôvod populácie.

Najlepší záver preto zostáva presne ohraničený: názov veľkej haploskupiny nestačí na výber stredovekého etnika. Vyššie rozlíšenie môže zmeniť geografickú interpretáciu, no nemôže samo dodať vieru, jazyk alebo politické presvedčenie dávneho nositeľa.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Podvetva je presnejšia než široká haploskupina; stále však nie je etnickým preukazom.**

Zdroje / poznámky: S09, S04

14 / Zakladateľský efekt nie je sčítanie obyvateľov

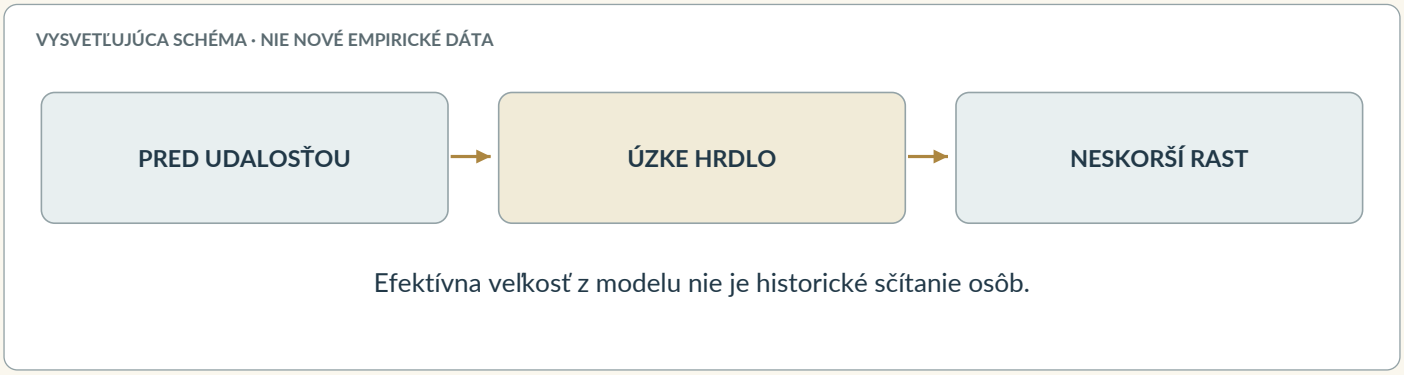
Carmi a spoluautori analyzovali 128 aškenázskych genómov a pri modelovaní nedávnych dejín opísali výrazné populačné zúženie približne na 350 jedincov. Staršie vetvy ich modelu podporovali približne vyrovnanú európsku a pravdepodobne blízkovýchodnú zložku. [S10]

Číslo približne 350 nie je menný zoznam ľudí ani dôkaz, že v celej Európe v určitom roku žilo práve 350 Židov. Ide o parameter modelu reprodukčnej histórie. Geneticky odvodená veľkosť zakladateľskej populácie a celkový počet obyvateľov v historickom území sa nemusia rovnať.

Zakladateľský efekt znamená, že neskoršie početné potomstvo môže niesť veľa variácie od relatívne úzkeho okruhu skorších línií. Tým sa môže zvýrazniť určitá podobnosť bez potreby predpokladať nový príchod každej dnes početnej vetvy. Ani to však samo neurčuje, kde zakladatelia žili alebo ako sa nábožensky identifikovali.

Pre čitateľa je najdôležitejšie nezamieňať „málo zakladateľských línií“ s „biologicky jednotným národom“. Zakladatelia mohli byť už sami geneticky rôznorodí. Po zúžení mohla nasledovať migrácia a ďalšie miešanie; jednoduchý model nemusí zachytiť každý krok.

Táto práca preto pomáha vysvetliť demografickú štruktúru. Nie je priamym podpisom Chazarie ani náhradou za historické dokumenty o vzniku komunitných inštitúcií.



Geneticky odvodená zakladateľská veľkosť ≠ presný počet všetkých živých obyvateľov.

Zdroje / poznámky: S10, S16, S12

15 / Miešanie v čase: dva problémy jedného percenta

Xue a spoluautori v roku 2017 skúmali čas a miesto európskeho príspevku do aškenázskej histórie. Výsledky podporili výraznú juhoeurópsku zložku v rámci európskeho podielu a viac než jednu epizódu miešania. Rozsah 60–80 % sa vzťahuje na juhoeurópsky podiel európskeho príspevku, nie na celý genóm každého Aškenáza. [S11]

Prvý problém je menovateľ. Čisto didakticky: ak by model obsahoval 50 % európskeho príspevku a 60–80 % z neho by bolo juhoeurópskych, výsledok by predstavoval 30–40 % celku. Ide o vysvetlenie násobenia podielov, nie o osobný test DNA ani nové všeobecné populačné percento.

Druhý problém je čas. Jediný odhad generácií môže zhrnúť viac dejov a nemusí byť dátumom jednej svadby, konverzie alebo presťahovania. Autori kombinujú metódy a diskutujú skoršie i neskoršie zložky. Ich interpretácia je zložitejšia než jednoduchá šípka na mape. [S11]

Pre porovnanie s Koestlerom je podstatné, že európske predkovstvo sa nemusí odvodzovať z jediného severovýchodného zdroja. Rôzne časti Európy aj rôzne storočia predstavujú odlišné testovateľné scenáre. Pomenovanie „európsky“ je bez týchto rozlíšení príliš hrubé.

Ani tu nemožno zameniť dnešné referenčné skupiny za nepretržite nezmenené národy. Výsledok je rekonštrukcia populačných väzieb pri daných predpokladoch, nie zoznam občianstiev všetkých predkov.

VYSVETĽUJÚCA SCHÉMA · NIE NOVÉ EMPIRICKÉ DÁTA

Hypotetický príklad: 50 % × 60–80 % = 30–40 % celku.

> **Najprv zistiť menovateľ; až potom porovnávať percentá.**

Zdroje / poznámky: S11, S04

16 / Erfurt: stredoveké DNA namiesto iba dnešných zástupcov

Waldman a spoluautori publikovali v roku 2022 celogenómové údaje od 33 ľudí zo stredovekého židovského cintorína v Erfurte. Skúmaná komunita vykazovala genetickú kontinuitu s dnešnou aškenázskou populáciou, ale aj väčšiu vnútornú variabilitu. Zakladateľský dej podľa práce predchádzal štrnástemu storočiu. [S12]

Dátované pozostatky obmedzujú priestor pre hypotézy inak než samotné dnešné súradnice. Už sa nepýtame iba, komu je niekto podobný dnes, ale aj či určitý profil existoval na konkrétnom mieste v známom období. To je dôležité pri testovaní príbehov, ktoré posúvajú vytvorenie celej populácie až do neskorších storočí.

Autori však sami upozorňujú, že ide o jedno miesto a časové okno. Ich modely qpAdm nemajú byť čítané ako presné priame percentá príspevkov dnešných pomenovaných populácií. Priznávajú široké rozpätie modelov aj obmedzenia úplnej demografickej rekonštrukcie. [S12]

Erfurtské dáta preto nie sú univerzálnym rodokmeňom každého Aškenáza. Samy neidentifikujú ani nevylúčia každého vzdialeného chazarského predka. Poskytujú však nezávisle datovaný bod, s ktorým sa musí zlučovať akýkoľvek širší príbeh.

Takýto výsledok nemožno odbiť slovom „teória“, ale nemožno ho ani nafúknuť na vyčerpávajúce vysvetlenie všetkých predchádzajúcich migrácií. Najsilnejšie je jeho konkrétne časové ukotvenie; najväčším rizikom popularizácie je neprimerané zovšeobecnenie jednej lokality.

33 stredovekých ľudí predstavuje cenné svedectvo, nie všetku minulú populáciu.

Zdroje / poznámky: S12

17 / Farebné grafy nie sú pôvodné národy

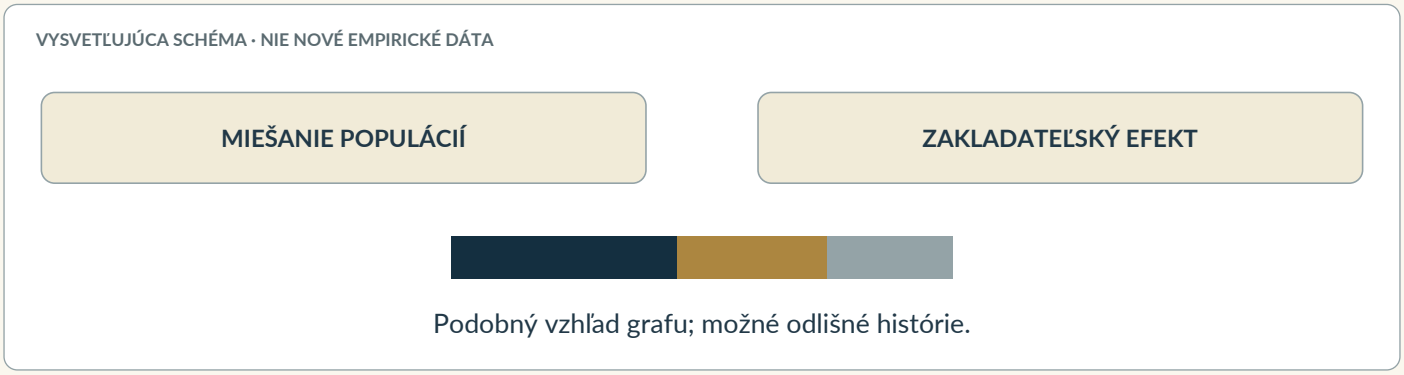
PCA sumarizuje rozdiely medzi vzorkami; ADMIXTURE rozkladá genetickú variáciu podľa určitého modelu a zvoleného počtu zložiek. Ani jedna skratka neznamená automatické čítanie dejín. Lawson, van Dorp a Falush na simuláciách a príkladoch ukazujú, že podobný farebný výsledok môže vzniknúť pri odlišných demografických scenároch. [S16]

Predstavme si dve vysvetlenia: nedávne zmiešanie dvoch zdrojov a staršie spoločné predkovstvo nasledované silným genetickým driftom. Ak zvolený graf obidva scenáre zobrazí podobne, sám medzi nimi nerozhodol. Nestačí pomenovať jednu farbu „Chazari“ a túto menovku následne vydávať za nameranú historickú udalosť.

Zodpovedné čítanie sa pýta na vplyv panelu, príbuzných osôb vo vzorke, chýbajúcich populácií, časového rozlíšenia a vhodnosti modelu. Rôzne metódy môžu pomôcť práve tým, že majú odlišné predpoklady; ich súhlas má hodnotu iba vtedy, keď nejde o opakovanie tej istej vstupnej domnienky. [S04, S16]

Táto opatrnosť nemá zneplatniť genetiku. Má zabrániť tomu, aby sa užitočná štatistická skratka premenila na príbeh, ktorý dáta nerozlišujú. Podobne ani neúspech jedného modelu nepotvrdzuje automaticky jeho najznámejšieho konkurenta.

V našich diagramoch preto nie sú skutočné populačné dáta, pokiaľ nie sú výslovne uvedené. Schéma vysvetľuje logiku otázky; nie je novou vedeckou figúrou dokazujúcou konkrétny pôvod.



Farba označuje zložku modelu. Historické meno potrebuje ďalšie dôkazy.

Zdroje / poznámky: S16, S04

18 / Ako by vyzeral silnejší test chazarského príspevku

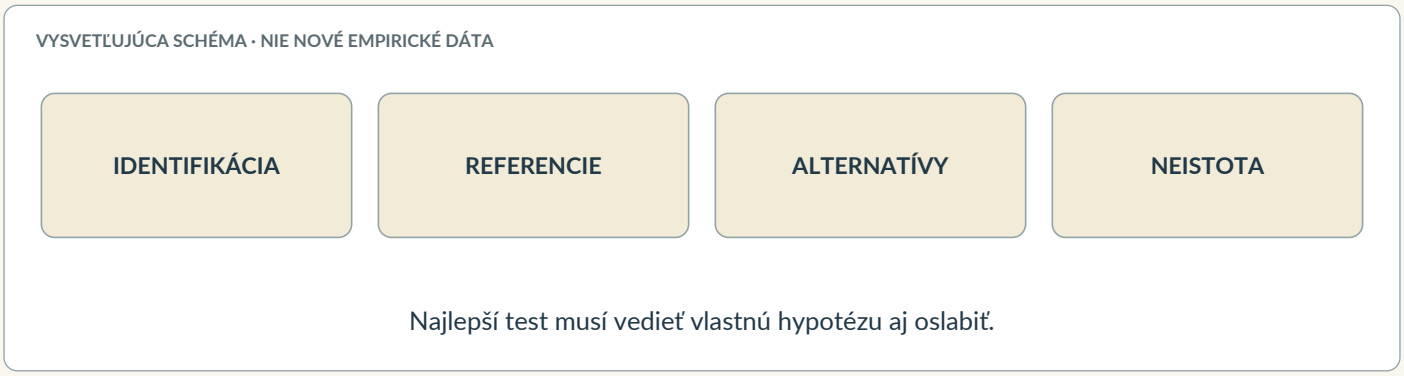
V porovnávaných populačných prácach chýba priamo skúmaný, reprezentatívny a historicky spoľahlivo priradený panel židovských obyvateľov chazarského štátu. Nie je to vyhlásenie o každom archeogenetickom výskume na svete; je to hranica tohto súboru dôkazov. [S06, S07, S12]

Silnejší test by potreboval presné datovanie, archeologický kontext, kontrolu kontaminácie a biologickej príbuznosti a viac lokalít. Dôležité by bolo odlíšiť obyvateľov ríše od konkrétneho konvertovaného okruhu. Hrob na území kaganátu nie je automaticky hrobom človeka židovskej viery a genetická blízkosť sama vieru nedoplní.

Následne treba vopred definovať porovnávané modely. Aký príspevok, v akom storočí a do ktorej neskoršej komunity sa predpokladá? Čo by model predpovedal oproti starším blízkovýchodným a európskym väzbám? Ako veľký príspevok je pri daných dátach ešte rozlíšiteľný a čo zostáva pod hranicou citlivosti?

Taký výskum by nesmel zameniť neprítomnosť dostupných vzoriek za pozitívny dôkaz obľúbenej hypotézy. Rovnako by sa mal vyhnúť tvrdeniu o definitívnej nule, ak test v skutočnosti nemá potrebnú citlivosť.

Práca s ľudskými pozostatkami má aj etickú stránku. Erfurtská štúdia výslovne uvádza súhlas miestnej židovskej komunity. Ľudia nie sú iba materiál pre polemiku; nevyhnutnosť odberu, rešpekt k pozostatkom a zodpovedné vysvetľovanie výsledkov patria k dizajnu výskumu. [S12]



Pred testom treba určiť populáciu, obdobie, alternatívy aj hranicu rozlíšenia.

Zdroje / poznámky: S06, S07, S12

19 / Beter: citovanie knihy a dodatočná politická téza

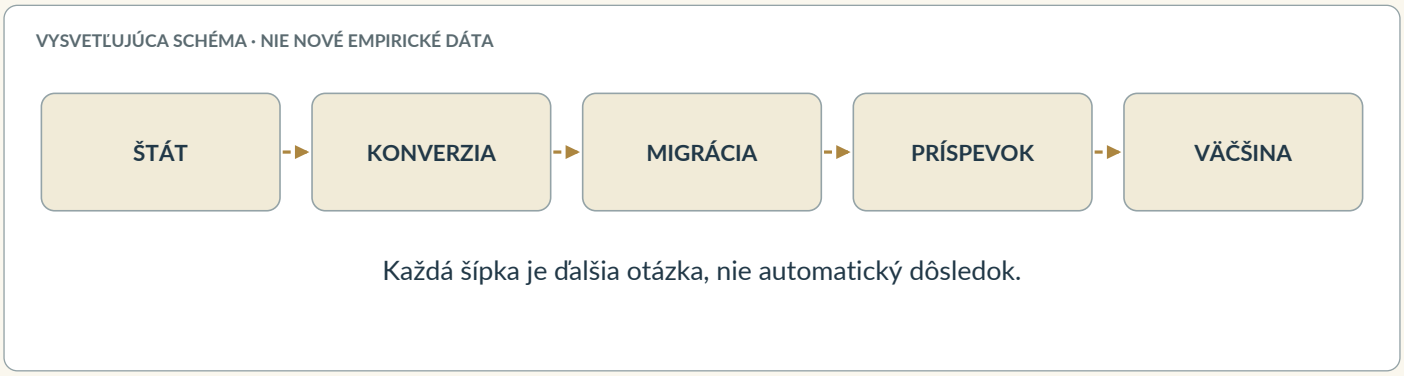
V AL50 Beter výslovne odporúča Koestlerovu knihu a spája Chazarov s dlhým konfliktom s Ruskom. V ďalšom výklade pripisuje „chazarským Židom“ generačne odovzdávané nepriateľstvo a nadväzuje na boľševizmus a sionizmus. Toto je predmet skúmania jeho slov, nie naše označenie dnešnej populácie. [S03]

Vzťah knihy k takémuto záveru treba rozpliesť. Hypotéza o určitom biologickom príspevku by ani pri potvrdení nedokazovala trvalú politickú organizáciu, tajnú koordináciu či zdedený úmysel pomsty. Na tieto tvrdenia by boli potrebné historicky identifikované osoby, inštitúcie a činy.

V dodatku IV Koestler navyše výslovne odmieta používanie hypotézy o pôvode na popretie existencie Izraela. Jeho politická argumentácia sa tým nedáva automaticky za pravdu; dokladá však, že jeho knihu nemožno bez rozlíšenia stotožniť s každým neskorším použitím. [S01]

Beterove nahrávky sú staršie než porovnávané genomické štúdie. Nie je férové tvrdiť, že ignoroval ešte nevydané dáta. Je však správne odmietnuť predstavu, že novšia vedecká terminológia automaticky spätne potvrdzuje celú jeho teóriu. Chronologická následnosť nie je potvrdením každej predchádzajúcej vety.

Označenie historickej skupiny sa tak nesmie nenápadne zmeniť na všeobecnú obžalobu súčasných ľudí. Každá údajná politická väzba sa posudzuje vlastnými dokladmi; nevyvodzuje sa z rodokmeňa.



> **DNA netestuje tisícročnú pomstu. Citácia knihy nie je dôkazom politickej kontinuity.**

Zdroje / poznámky: S01, S03

20 / Záver: presnosť bez predstieranej úplnosti

Koestlerova hypotéza patrí do dejín diskusie o pôvode. Jej silná populačná verzia však nezískava dostatočnú oporu tým, že chazarský štát existoval, že jeho vládnuci okruh býva opisovaný ako židovský alebo že Aškenázi majú európskych predkov. Každá z týchto viet má iný dosah. [S01, S18, S07]

Naše vyhodnotenie vybraných prác uprednostňuje model viacvrstvového európskeho a blízkovýchodného pôvodu pred tvrdením o preukázanej chazarskej väčšine. Dôvodom nie je pohodlie tradičného príbehu, ale kombinácia regionálnych porovnaní, rozdielnych genetických línií, časovania miešania a stredovekého dátového bodu. Konkrétne podiely a trasy zostávajú predmetom modelovania. [S07–S12]

Slabšie tvrdenie o možnom jednotlivom či menšom chazarskom príspevku nemožno zameniť za silné tvrdenie o väčšine. Jeho otvorenosť nie je pozitívnym dôkazom. V tomto súbore prác nemáme priamy dostatočný referenčný panel, ktorý by umožnil presne vyčísliť takýto príspevok.

Jazyk, náboženstvo, genetická podobnosť a občianstvo nezodpovedajú tú istú otázku. Žiadny z tu rozoberaných výsledkov nepodporuje tvrdenie o biologicky zdedenej politickej nenávisti alebo o spoločnej vine ľudí podľa ich pôvodu.

Ďalšie diely série sa venujú politickým hnutiam a historickým udalostiam samostatne. RA04 im nedodáva genetickú skratku. Dodáva postup: presné tvrdenie, zodpovedajúci doklad, konkurenčné vysvetlenie a priznanú mieru neistoty.

Opätovne použitá ilustrácia AI / historizujúca predstava — nie archívny obraz

> **Čo je možné, čo je pravdepodobné a čo je preukázané, nemožno zamieňať.**

Zdroje / poznámky: S01, S07, S08, S09, S10, S11, S12, S18

Porovnanie štúdií / I

Dátový základ, záver autorov a hranica výkladu nie sú to isté.

Elhaik · 2013 · Moderné vzorky; 1 287 ľudí

ZÁVER Podpora chazarskej interpretácie pri zvolených zástupcoch.

HRANICA Žiadny priamy panel stredovekých Chazarov.

S06

Behar a kol. · 2013 · Moderné vzorky; 1 774 ľudí

ZÁVER Európske a blízkovýchodné väzby; bez významného špecifického kaukazského signálu.

HRANICA V RA04 prístup k abstraktu; výsledok nie je genealogická nula.

S07

Costa a kol. · 2013 · Mitochondriálne línie

ZÁVER Výrazný európsky materský príspevok.

HRANICA Nejde o percento celého genómu.

S08

Rootsi a kol. · 2013 · Y, R1a/M582

ZÁVER Blízkovýchodný zdroj konkrétnej levitskej vetvy.

HRANICA Nie všetci Aškenázi ani všetky línie R1a.

S09

Porovnanie štúdií / II

Dátový základ, záver autorov a hranica výkladu nie sú to isté.

Carmi a kol. · 2014 · 128 sekvenovaných genómov

ZÁVER Zakladateľské zúženie a zmiešaný model pôvodu.

HRANICA Modelovaná veľkosť nie je súpis obyvateľov.

S10

Das a kol. · 2016/2017 · GPS; moderné referencie

ZÁVER Alternatívny zemepisný a jazykový výklad.

HRANICA Časový význam súradníc je predmetom kritiky.

S13–S15, S17

Xue a kol. · 2017 · Autozomálne úseky a časovanie

ZÁVER Výrazná juhoeurópska zložka európskeho príspevku; viac epizód.

HRANICA Podiel podielu nie je percento celku.

S11

Waldman a kol. · 2022 · 33 stredovekých ľudí; Erfurt

ZÁVER Kontinuita, variabilita a skorší zakladateľský dej.

HRANICA Jedna lokalita; nejde o úplnú migračnú kroniku.

S12

Register tvrdení / C01–C05

C01 · NEVYPLÝVA Z DOKLADU

Historický chazarský štát dokazuje chazarskú väčšinu medzi Aškenázmi.

Existencia štátu a reprodukčný podiel v neskoršej populácii sú odlišné tvrdenia. Potrebné sú ďalšie doklady o migrácii a potomkoch. [S18, S07]

C02 · NEOPRÁVNENÉ ZOVŠEOBECNENIE

Konverzia elity znamená konverziu každého obyvateľa ríše.

Použité historické heslo rozsah označuje za neznámy. Náboženská elita nie je automaticky celé obyvateľstvo. [S18]

C03 · KATEGORIÁLNA CHYBA

Európske prvky jidiš dokazujú výlučne európsky biologický pôvod.

Jazykový kontakt a genetický prenos nie sú rovnaká udalosť. Germánska klasifikácia jidiš nevyplní rodokmeň hovoriaceho. [S05, S04]

C04 · NESPRÁVNY OPIS METÓDY

Elhaikova práca poskytla priamy test stredovekých chazarských genómov.

Kľúčové porovnania používajú moderné zástupné populácie. Ich historická reprezentatívnosť je súčasťou sporu, nie hotový výsledok. [S06, S07]

C05 · SILNEJŠIE NEŽ VÝSLEDOK

Behar dokázal, že žiadny Aškenáz nemohol mať žiadneho chazarského predka.

Abstrakt opisuje neprítomnosť významného regionálneho signálu pri použitom paneli. Nejde o kontrolu každého osobného rodokmeňa. [S07, S04]

Register tvrdení / C06–C10

C06 · NESPRÁVNY MENOVATEĽ

Európsky pôvod viac než 80 % mtDNA línií znamená viac než 80 % celého genómu.

Materské línie nie sú autozomálne podiely. Samotný európsky výsledok tiež neurčuje chazarský zdroj. [S08, S11]

C07 · NESPRÁVNY VÝKLAD PARAMETRA

Model približne 350 zakladateľov je presný historický súpis.

Ide o model reprodukčnej histórie, nie počet všetkých žijúcich ľudí na vymedzenom území. [S10, S12]

C08 · NEPREUKÁZANÁ LOKALIZÁCIA

Bod GPS označuje konkrétnu obec všetkých stredovekých predkov.

Bez overenej časovej rekonštrukcie to nevyplýva z moderných súradníc. Pozri kritiku aj autorskú obhajobu. [S14, S15, S17]

C09 · PREHNANÉ ZOVŠEOBECNENIE

Erfurt vyčerpávajúco vysvetlil všetky aškenázske migrácie.

Dátovaný súbor 33 ľudí podporuje kontinuitu a skorší zakladateľský dej. Autori sami vymedzujú jeden priestor a čas. [S12]

C10 · LOGICKY NEVYPLÝVA

Potvrdený chazarský predok by dokazoval tisícročnú politickú pomstu.

Predkovstvo neidentifikuje inštitúciu, príkaz, politický úmysel ani čin. Ide o Beterovu dodatočnú tézu vyžadujúcu vlastné dôkazy. [S03, S04]

Chronológia

7.–10. storočie / 7th–10th c.	Historický priestor chazarského štátu; nie jeden biologický rodokmeň. [S18]
1976	Koestlerova kniha; historicko-populačná hypotéza pred genomickou érou. [S01, S02]
1979	Beter v AL50 odporúča knihu a rozvíja širšiu politickú interpretáciu. [S03]
2013	Elhaik a Behar: rozdielne regionálne interpretácie. Costa a Rootsi: odlišné uniparentálne línie. [S06–S09]
2014	Carmi: sekvenované genómy a model zakladateľského zúženia. [S10]
2016–2017	Spor o GPS a jazyk; autorská odpoveď a perspektíva. Xue: čas a miesto európskeho príspevku. [S05, S11, S13–S15, S17]
2018–2020	Metodické vysvetlenia modelových grafov a významov pôvodu. [S04, S16]
2022	Waldman: dátované stredoveké genómy z Erfurtu. [S12]

Slovníček

Aškenázi

Historicko-kultúrne židovské komunity späté s nemeckými krajinami a neskôr ďalšími oblasťami; nie jediný nemenný genóm.

Autozómy

Chromozómy mimo pohlavných chromozómov; dávajú širší obraz genetického prenosu cez mnohé línie.

Genetický drift

Náhodné zmeny frekvencií variantov, výrazné najmä v malých populáciách.

Haploskupina

Vetva genetickej príbuznosti označená variantmi; nie náboženská alebo občianska kategória.

IBD

Úsek podobnosti zdedený od spoločného predka; jeho dĺžka môže niesť informáciu o čase.

Mitochondriálna DNA

Marker priamej materskej línie; nepredstavuje celý genóm.

PCA

Štatistické zhrnutie variability vzoriek do menšieho počtu osí; nie automatická mapa migrácií.

Proxy / zástupca

Dostupná vzorka používaná namiesto nepriamo skúmanej historickej populácie.

qpAdm

Metóda testovania modelov genetických vzťahov a príspevkov vzhľadom na referenčné skupiny.

Referenčný panel

Súbor porovnávacích vzoriek; jeho výber ovplyvňuje interpretáciu.

ROH

Dlhšie úseky homozygotnosti; pomáhajú skúmať príbuznosť a demografickú históriu.

Zakladateľský efekt

Neskoršia populácia nesie výrazný podiel variácie od pomerne úzkeho skoršieho okruhu.

Pramene / S01–S05

Prístup overovaný pre toto vydanie; dátum uzávierky 11. 10. 2026.

S01 · Arthur Koestler

The Thirteenth Tribe: The Khazar Empire and Its Heritage

1976; elektronický prepis

https://www.heritage-history.com/index.php?author=koestler&book=tribe&c=read&readAll=true

PRÍSTUP: Dostupný prepis hlavného textu; skúmané argumentačné pasáže a dodatky II–IV. Bez úplnej kolácie s prvým vydaním. Úvod hostiteľa sa nepoužíva. Kniha sa do balíka nekopíruje.

S02 · Google Books / Random House catalogue record

The Thirteenth Tribe: The Khazar Empire and Its Heritage

Random House, 1976; 255 pp.; ISBN 0394402847

https://books.google.com/books/about/The_Thirteenth_Tribe.html?id=UOFoAAAAMAAJ

PRÍSTUP: Bibliografický záznam pre rok, vydavateľa a rozsah. Nie dôkaz správnosti knižnej tézy.

S03 · Peter David Beter

Audio Letter No. 50

30 September 1979; Topic 3

https://www.peterdavidbeter.com/docs/all/dbal50.html

PRÍSTUP: Prepis tretej témy vrátane odporúčania Koestlerovej knihy a širšej teórie. Nahrávka nebola v tejto edícii znova sluchovo kolacionovaná.

S04 · Iain Mathieson; Aylwyn Scally

What is ancestry?

PLOS Genetics 16(3), e1008624 (2020). DOI: 10.1371/journal.pgen.1008624

https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1008624

PRÍSTUP: Celý dostupný text metodického názorového článku. Nie samostatný dátový test chazarskej hypotézy.

S05 · Marion Aptroot

Yiddish Language and Ashkenazic Jews: A Perspective from Culture, Language, and Literature

Genome Biology and Evolution 8(6), 1948–1949 (2016). DOI: 10.1093/gbe/evw131

https://academic.oup.com/gbe/article/8/6/1948/2574117

PRÍSTUP: Celý dostupný krátky odborný komentár. Konkrétne staršie tlače sú doložené sprostredkovane cez autorku; nevykonali sme ich samostatnú paleografickú analýzu.

Pramene / S06–S10

Prístup overovaný pre toto vydanie; dátum uzávierky 11. 10. 2026.

S06 · Eran Elhaik

The Missing Link of Jewish European Ancestry: Contrasting the Rhineland and the Khazarian Hypotheses

Genome Biology and Evolution 5(1), 61–74 (2013; online 2012). DOI: 10.1093/gbe/evs119

https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3595026/

PRÍSTUP: Celý dostupný článok; metódy výberu zástupcov, veľkosť súboru a interpretácia. Bez nového výpočtu nad surovými dátami.

S07 · Doron M. Behar et al.

No Evidence from Genome-Wide Data of a Khazar Origin for the Ashkenazi Jews

Human Biology 85(6), 859–900 (2013). DOI: 10.3378/027.085.0604

https://digitalcommons.wayne.edu/humbiol/vol85/iss6/9/

PRÍSTUP: Autorský abstrakt a vydavateľský/univerzitný záznam. Úplný článok a tabuľkové prílohy neboli v tomto pracovnom prístupe celé sprístupnené.

S08 · Marta D. Costa et al.

A substantial prehistoric European ancestry amongst Ashkenazi maternal lineages

Nature Communications 4, 2543 (2013). DOI: 10.1038/ncomms3543

https://www.nature.com/articles/ncomms3543

PRÍSTUP: Celý dostupný článok o mitochondriálnych líniách. Odhady sa nevydávajú za autozomálne podiely. Starší konkurenčný výklad je uvádzaný podľa diskusie autorov.

S09 · Siiri Rootsi et al.

Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites

Nature Communications 4, 2928 (2013). DOI: 10.1038/ncomms3928

https://www.nature.com/articles/ncomms3928

PRÍSTUP: Celý dostupný článok, najmä abstrakt, úvod a výsledky M582. Záver sa obmedzuje na konkrétnu otcovskú vetvu, nie celú populáciu.

S10 · Shai Carmi et al.

Sequencing an Ashkenazi reference panel supports population-targeted personal genomics and illuminates Jewish and European origins

Nature Communications 5, 4835 (2014). DOI: 10.1038/ncomms5835

https://www.nature.com/articles/ncomms5835

PRÍSTUP: Celý dostupný článok; historické modelovanie 128 genómov. Nejde tu o zdravotné odporúčania ani individuálne genetické poradenstvo.

Pramene / S11–S14

Prístup overovaný pre toto vydanie; dátum uzávierky 11. 10. 2026.

S11 · Xue et al.

The time and place of European admixture in Ashkenazi Jewish history

PLOS Genetics 13(4), e1006644 (2017). DOI: 10.1371/journal.pgen.1006644

https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5380316/

PRÍSTUP: Celý dostupný článok; časovanie a regionálne podiely európskeho príspevku. Didaktické násobenie percent v RA04 je označené ako vlastný príklad.

S12 · Waldman et al.

Genome-wide data from medieval German Jews show that the Ashkenazi founder event pre-dated the 14th century

Cell 185(25), 4703–4716.e16 (2022). DOI: 10.1016/j.cell.2022.11.002

https://reich.hms.harvard.edu/sites/reich.hms.harvard.edu/files/inline-files/2022_Waldman_ErfurtMedievalJews_Cell%5B15%5D_0.pdf

PRÍSTUP: Dostupné autorské PDF vrátane oddielu Limitations of this study a metód. PDF má predsadzobné číslovanie; bibliografické strany sú strany vydaného článku. Všetky externé doplnkové dáta neboli znovu analyzované.

S13 · Ranajit Das; Paul Wexler; Mehdi Pirooznia; Eran Elhaik

Localizing Ashkenazic Jews to Primeval Villages in the Ancient Iranian Lands of Ashkenaz

Genome Biology and Evolution 8(4), 1132–1149 (2016). DOI: 10.1093/gbe/evw046

https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26941229/

PRÍSTUP: Identifikačný bibliografický záznam. Opis a obhajoba postupu sú v RA04 opreté najmä o autorský text S15 a abstrakt odpovede S17; pôvodný úplný článok netvrdíme ako celý preverovaný.

S14 · Pavel Flegontov et al.

Pitfalls of the Geographic Population Structure (GPS) Approach Applied to Human Genetic History: A Case Study of Ashkenazi Jews

Genome Biology and Evolution 8(7), 2259–2265 (2016). DOI: 10.1093/gbe/evw162

https://academic.oup.com/gbe/article-pdf/8/7/2259/20711100/evw162.pdf

PRÍSTUP: Celý dostupný text PDF metodickej a jazykovej kritiky. Vlastné diagramy RA04 sú nové vysvetľujúce schémy, nie prekopírované vedecké figúry.

Pramene / S15–S18

Prístup overovaný pre toto vydanie; dátum uzávierky 11. 10. 2026.

S15 · Ranajit Das; Paul Wexler; Mehdi Pirooznia; Eran Elhaik

The Origins of Ashkenaz, Ashkenazic Jews, and Yiddish

Frontiers in Genetics 8, 87 (2017). DOI: 10.3389/fgene.2017.00087

https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2017.00087/full

PRÍSTUP: Celý dostupný perspektívny článok autorov alternatívneho výkladu; obsahuje obhajobu proti jazykovej a genetickej kritike. Neopisujeme ho ako novú nezávislú vzorku stredovekých Chazarov.

S16 · Daniel J. Lawson; Lucy van Dorp; Daniel Falush

A tutorial on how not to over-interpret STRUCTURE and ADMIXTURE bar plots

Nature Communications 9, 3258 (2018). DOI: 10.1038/s41467-018-05257-7

https://www.nature.com/articles/s41467-018-05257-7

PRÍSTUP: Celý dostupný metodický článok, najmä modelové scenáre, diskusia a limity interpretácie. Nepredstavuje priamy samostatný test pôvodu Aškenázov.

S17 · Ranajit Das; Paul Wexler; Mehdi Pirooznia; Eran Elhaik

Responding to an enquiry concerning the geographic population structure (GPS) approach and the origin of Ashkenazic Jews – a reply to Flegontov et al.

arXiv:1608.02038v2 (17 August 2016). DOI: 10.48550/arXiv.1608.02038

https://arxiv.org/abs/1608.02038

PRÍSTUP: Abstrakt a metadáta preprintu. Označenie preprint nezamieňame s recenzovaným vydaním; úplných 32 strán odpovede sa tu neanalyzuje.

S18 · Dan (D. Y.) Shapira

Khazars

Encyclopaedia Iranica XVI/5, 511–528; online 14 December 2020

https://www.iranicaonline.org/articles/khazars/

PRÍSTUP: Dostupné odborné encyklopedické heslo; použité historické vymedzenie, rôznorodosť a obmedzenia rozsahu konverzie. Nie genetická štúdia.

Čitateľský postup a údaje o vydaní

Čitateľský postup: určite presné tvrdenie a jeho čas; nájdite pôvodnú publikáciu; rozlíšte text od abstraktu; skontrolujte populáciu a marker; pomenujte zástupcov; hľadajte alternatívny model; prečítajte oddiel obmedzení; nezamieňajte percentá s rôznymi menovateľmi; odlíšte poznatok od politického alebo etického záveru.

Toto vydanie je nezávislou redakčnou štúdiou s pomocou AI. Nie je textom Petra Davida Betera ani Arthura Koestlera, recenzovanou monografiou, novým genetickým experimentom alebo individuálnym zdravotným či právnym poradenstvom. Výber zdrojov je otvorene ohraničený.

Atmosférické ilustrácie sú znovu použité z predchádzajúcich vydaní RA01/RA02. Predstavujú historizujúce obrazy, nie fotografie dokladov, autentické portréty skúmaných predkov alebo presné archeologické rekonštrukcie. Schémy v RA04 sú vlastné vysvetlenia; hypotetické čísla sú označené.

Číslované citácie smerujú do registra tohto dielu. Technické názvy súborov sú spoločné pre EN/SK; obsah zostáva jazykovo oddelený. RA01, RA02 a RA03 sa týmto vydaním nemenia. Dátum vydania a číslo verzie umožňujú neskoršie opravy bez prepisovania histórie vydaní.

Záverečná zásada je jednoduchá: údaj o predkoch nie je rozsudok nad potomkami. Ochrana nevinných a rovnaká dôstojnosť ľudí nepotrebujú úspešný test žiadnej hypotézy o dávnom pôvode.

> **Tempus omnia revelat. · Čas všetko odhalí.**