

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

**Proceedings of the Academy  
of DNA Genealogy**

**Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 10, No. 11  
November 2017**

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

ISSN 1942-7484

**Вестник Академии ДНК-генеалогии.**

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.

Издательство Lulu inc., 2017.

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

*При цитировании ссылка на данное издание обязательна.*

Составитель  
*Академия ДНК-генеалогии*

Оформление издания  
*Anatole A. Klyosov*

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии, 2017.  
При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2017

## СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Курс лекций по практической ДНК-генеалогии. Иллюстрации. Лекция 18. А.А. Клёсов. ....	2737
Анатолий А. Клёсов. Прямая линия .....	2755
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 89, письма 309-316. ....	2873

# Курс лекций по практической ДНК-генеалогии.

## Иллюстрации. Лекция 18

Анатолий А. Клёсов

[www.anatole-klyosov.com](http://www.anatole-klyosov.com)

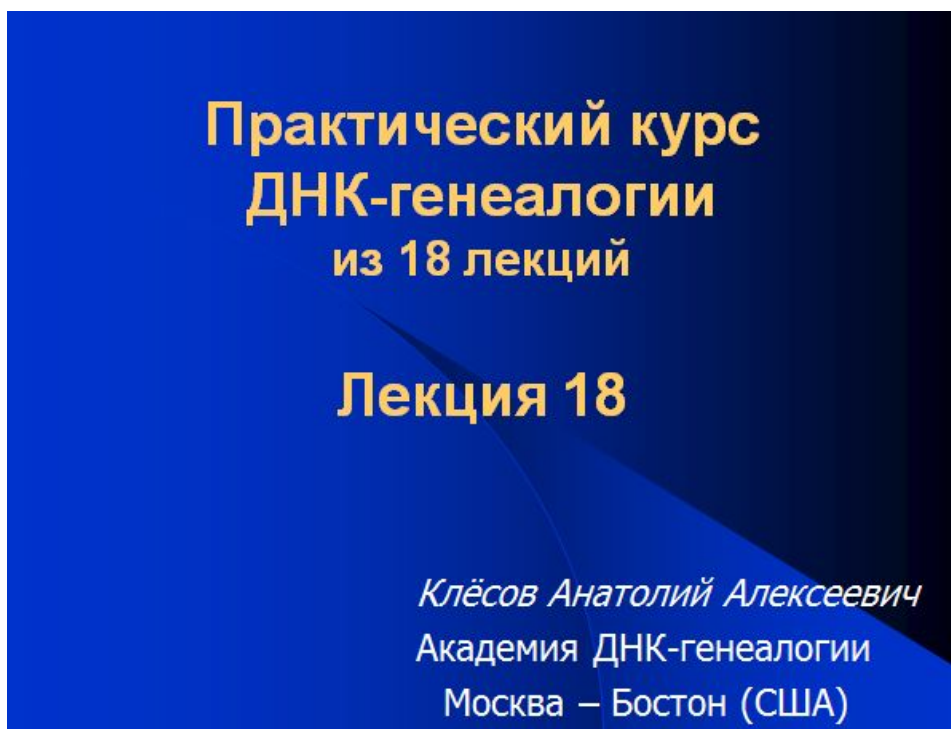
В ноябре 2016 г. вышел курс из 18 видео-лекций по ДНК-генеалогии,  
линки:

[https://www.youtube.com/playlist?list=PLux4EjQmNiae3ZEKy7PNs\\_eYJw3LVrsJ6](https://www.youtube.com/playlist?list=PLux4EjQmNiae3ZEKy7PNs_eYJw3LVrsJ6)

<http://pereformat.ru/2016/12/kurs-dnk-genealogii/>

[www.anatole-klyosov.com](http://www.anatole-klyosov.com)

С январского выпуска Вестника мы публикуем иллюстрации к лекциям, отвечаем на вопросы по лекциям и дополняем пояснениями, которые не вошли в лекции из-за жесткого лимита времени, но помогают лучше понять материал.





## **Лекция 18**

### **Персональная ДНК-генеалогия**

**В этой лекции будет рассказано о персональных тестах на Y-хромосомные гаплогруппу и гаплотип, и об их персональных интерпретациях, проводимых в Академии ДНК-генеалогии (Москва и Бостон). Московская Лаборатория ДНК-генеалогии делает тесты на 18- и 23-маркерные гаплотипы и на гаплогруппы, FTDNA (США) делает тесты на гаплотипы вплоть до 111-маркерных, но не делает персональных интерпретаций. Поэтому заказчик тестов в FTDNA сам обычно не может разобраться в том, что означает полученный набор цифр, и часто обращается за интерпретацией в Академию ДНК-генеалогии.**

## **Лекция 18**

### **Персональная ДНК-генеалогия**

**Рассмотрим в качестве примеров десяток результатов тестирования по разным гаплогруппам. Цель этой лекции – показать, что дает заказчику теста на ДНК знание своих гаплогруппы и гаплотипа.**

## Лекция 18

### Персональная ДНК-генеалогия

#### Пример 1 – гаплогруппа С

В РФ – 0.4% от всех.

Предок жил в Киргизии, в Ферганской долине.



## Лекция 18

### Персональная ДНК-генеалогия

#### Гаплогруппа С

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что он относится к субкладу C2-M217.

13 24 15 10 12 14 12 13 11 29 29 14 0 28 16 18 11 22

<b>C</b> M130	
•• <b>C1</b> Z1426	
••• <b>C1a</b> CTS11043	
••• <b>C1b</b> F1370	
•••• <b>C1b2b</b> M347	
<b>C2</b> M217	Субклад австралийских аборигенов 48100 лет (общий предок 34500 лет назад)
••••• <b>C2b</b> L1373, F1396	
••••• <b>C2b1</b> F4032	
••••• <b>C2b1a</b> F1699	
•••••• <b>C2b1a1</b> F3918	
••••••• <b>C2b1a1b</b> FGC28881.2	
•••••••• <b>C2b1a1b1</b> F1756, F3985	13400 лет назад
••••••••• <b>C2b1a1b1a</b> F3830	5500 лет (общий предок 600 лет назад)
•••••••••• <b>C2b1a1b1b</b> Y10420	5500 лет (общий предок 2700 лет назад)
••••••••••• <b>C2b1a2</b> M48	
•••••••••••• <b>C2c</b> F1067	

## Лекция 18

### Персональная ДНК-генеалогия

#### Гаплогруппа С

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что он относится к субкладу C2-M217.

13 24 15 10 12 14 12 13 11 29 29 14 0 28 16 18 11 22

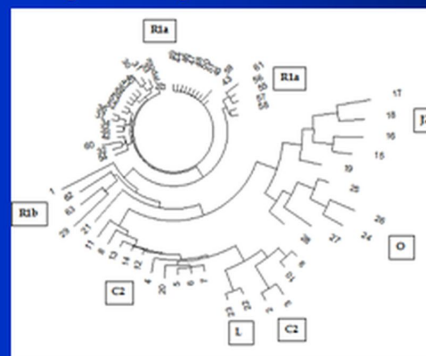


## Лекция 18

### Персональная ДНК-генеалогия

#### Гаплогруппа С

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что он относится к субкладу C-M217.



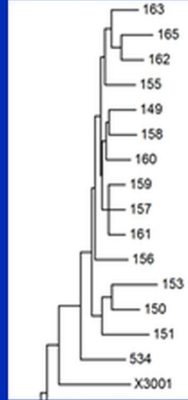
Общий предок субклада C2 в Киргизии жил  $1300 \pm 430$  лет назад, тогда же, как и R1a -  $1300 \pm 280$  лет назад. Видимо, это были скифы гаплогрупп R1a и C2.

## Пример 2 – гаплогруппа E1b-V13

Предки живут по всей Европе, в России – 2.5% от всех

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что это – E1b-M35:

13 25 13 10 16 18 11 14 11 31 26 14 20 33 17 18 10 23 (X3001)



## Пример 2 – гаплогруппа E1b-V13

Предки живут по всей Европе, в России – 2.5% от всех

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что это – E1b-E35.1:

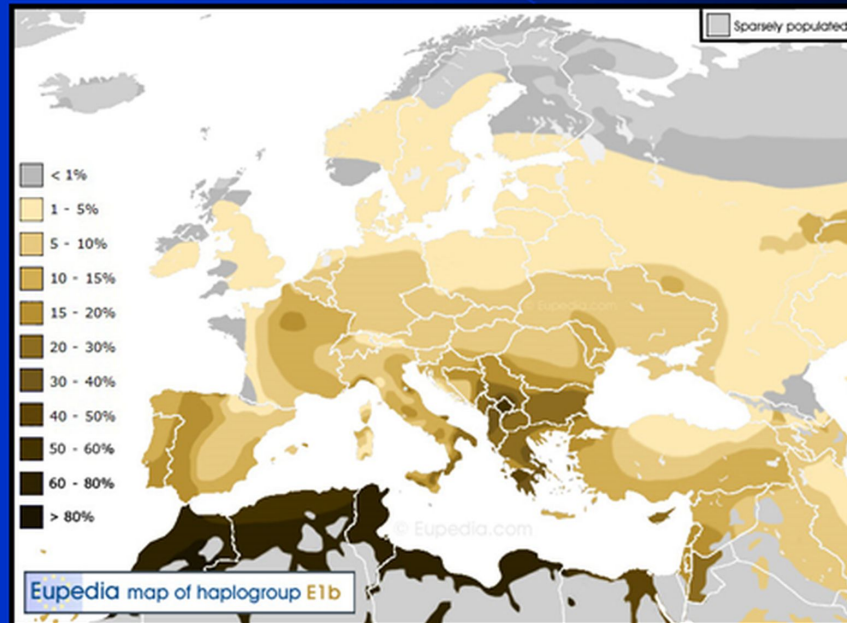
13 25 13 10 16 18 11 14 11 31 26 14 20 33 17 18 10 23

..... E1b1b1 M35.1	34900 лет назад
..... E1b1b1a V68.1	24100
..... E1b1b1a1 M78	19800
..... E1b1b1a1a Z1902	13400
..... E1b1b1a1a2 V65	11800
..... E1b1b1a1b Z1919	13400
..... E1b1b1a1b1 L618	12100
..... E1b1b1a1b1a V13	7700
..... E1b1b1a1b1a- Z38518	4100
..... E1b1b1a1b1a- Z8018	4100
..... E1b1b1a1b1a- S2979	3900
..... E1b1b1a1b1a- Z16659	3900
..... E1b1b1a1b1a- V3183	3900
..... E1b1b1a1b1a- CTS4431	3400
..... E1b1b1a1b1a- S2972	3400
..... E1b1b1a1b1a- Y18360	2900
..... E1b1b1a1b1a- A8458	2900
..... E1b1b1b Z827	24100
..... E1b1b1b2 Z830	23900
..... E1b1b1b2a M123	18900



## Пример 2 – гаплогруппа E1b-V13

Предки живут по всей Европе, в России – 2.5% от всех

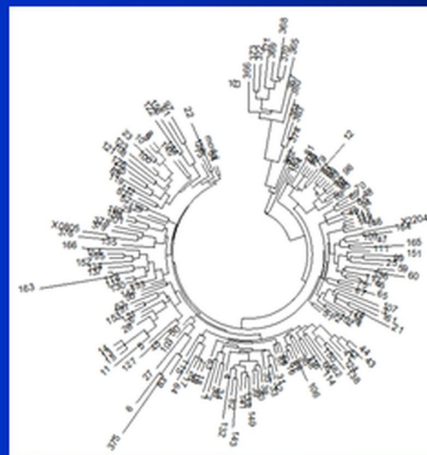


## Лекция 18

### Пример 3. Гаплогруппа G2a

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что он относится к субкладу G2a-P303.

14 21 16 10 13 14 11 12 11 29 23 16 22 28 15 14 10 20

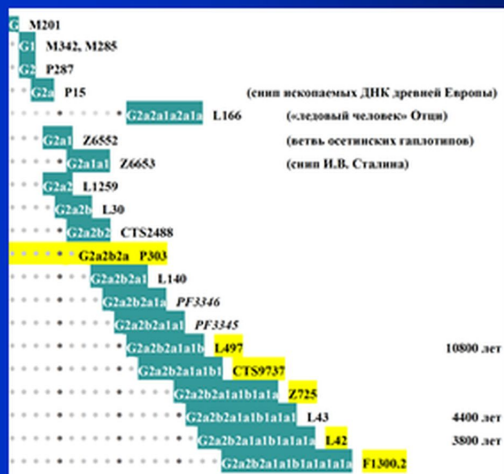


# Лекция 18

## Персональная ДНК-генеалогия

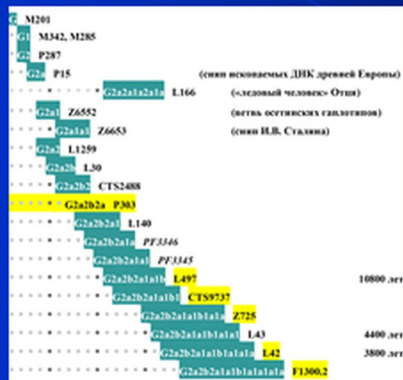
Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что он относится к субкладу G2a-P303.

14 21 16 10 13 14 11 12 11 29 23 16 22 28 15 14 10 20



# Лекция 18

## Гаплогруппа G2a



G-M201 > G2-P287 > G2a-P15 > PF3147 > L30 > M406 > CTS2488 > **P303**  
 > L140 > PF3346 > PF3345 > L497 > CTS9737 > Z725 > Z726

После этого возможны два пути цепочки сипов:

Z726 > CTS4803 > S2808

ИЛИ

Z726 > Z16775 > Z16777 > Z16770 > Z34079 > Z31343

## Пример 4. Гаплогруппа H1

Представлен 67-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа неизвестна.

12 22 15 10 15 18 11 12 11 14 11 30 – 19 9 9 10 12 24 14 19 30 12  
12 14 16 – 11 11 19 21 15 11 19 16 38 38 12 9 – 12 8 16 16 8 12 10 8  
11 9 0 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 13 9 12 14 11

Оказалось, что гаплотип относится к гаплогруппе H1, цыганской ветви.



## Лекция 18 Персональная ДНК-генеалогия Пример 4. Гаплогруппа H1

Оказалось, что гаплотип относится к гаплогруппе H1, цыганской ветви.

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 21 21 18 10 12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11  
12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 12 9 12 14 11  
12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 21 21 18 10 12 12 16 8 13 23 20 16 10 11 12 9 12 14 11  
12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 19 21 18 10 12 12 15 8 14 22 20 16 12 11 12 9 12 14 11  
12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 12 9 12 14 11  
12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 19 21 17 10 12 12 16 8 14 24 20 16 12 11 12 9 12 14 11  
12 9 12 8 16 16 8 12 10 8 11 9 0 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 13 9 12 14 11

Здесь приведены маркеры ветви с 36 до 67 (нижний – гаплотип заказчика интерпретации). Особенно характерен DYS425 = 0, редкая аллель.

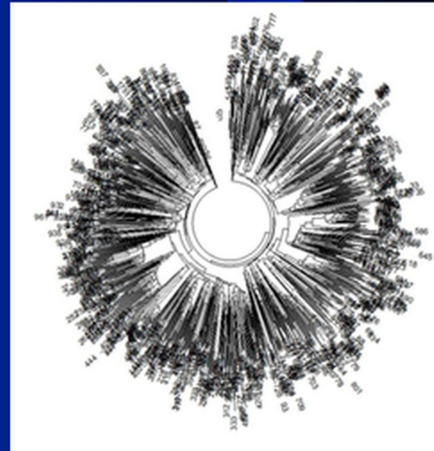
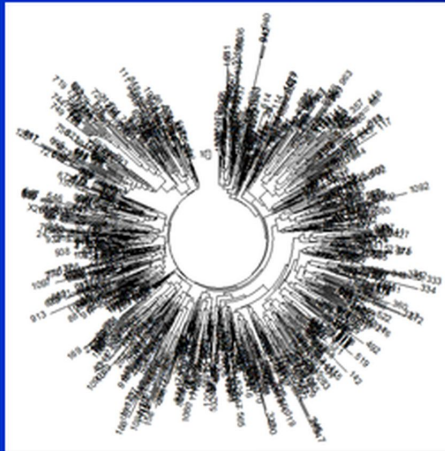


## Пример 5. Гаплогруппа I1

Представлен 26-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа I1-M253.

13 22 14 10 13 15 11 12 11 28 14 16 20 28 11 11 14 19 22 10 26 12 21 18 41 36

Слева внизу – дерево I1 из 23-маркерных гаплотипов, справа – из 111-маркерных гаплотипов.



## Пример 5. Гаплогруппа I1

Представлен 26-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа I1-M253.

13 22 14 10 13 15 11 12 11 28 14 16 20 28 11 11 14 19 22 10 26 12 21 18 41 36

I	M170	42900
•	I1 M253	27500
•	I1a DF29	4700
••	I1a1 CTS6364/Z2336	4700
•••	I1a1a Z2337	4200
••••	I1a1b L22	4100
•••••	I1a2 Z58	4700
••••••	I1a2a Z138	4700
•••••••	I1a2a1 Y15575	3700
••••••••	I1a2a1b Z73	3800
•••••••••	I1a2a1b1 BY266	2200
••••	I1a3 Z63	4700
•••••	I1a3a BY151	4100
••••••	I1a3a1 L849.2	4100
•••••••	I1a3a1a S2078	4100
••••••••	I1a3a1a2 Y6375	4000
•••••••••	I1a3a1a2- Y2245	4000
••••••••••	I1a3a1a2- Y7763	1750

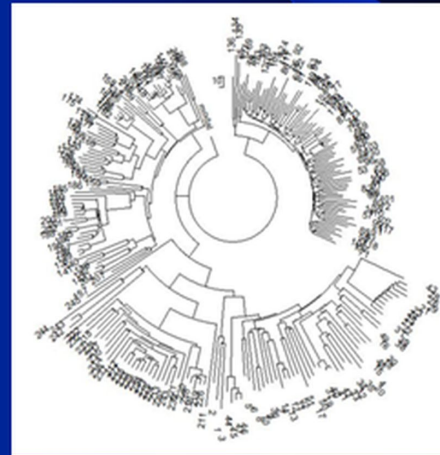
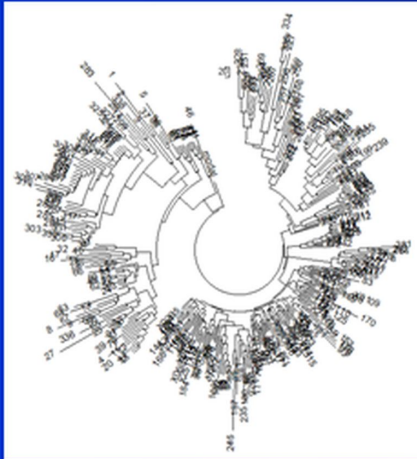


## Пример 6. Гаплогруппа I2a

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа I2a-P37

13 24 16 11 14 15 12 13 11 30 25 15 20 32 15 18 10 22

Слева внизу – дерево I2a из 18-маркерных гаплотипов, справа – из 111-маркерных гаплотипов.



## Пример 6. Гаплогруппа I2a

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа I2a1-P37.

13 24 16 11 14 15 12 13 11 30 25 15 20 32 15 18 10 22

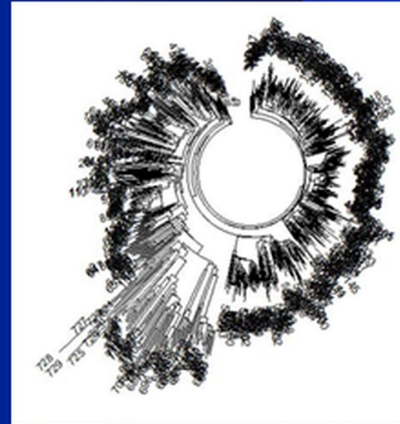
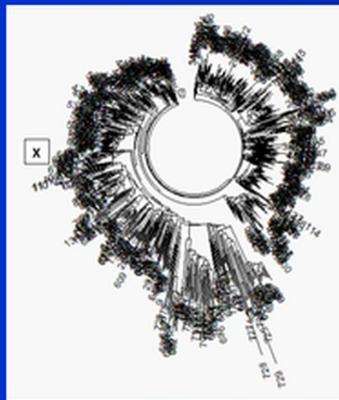
I	M170	42800
·	I1 M253	27500
·	I2 M438	27500
·	· I2a L460	21300
·	· · I2a1 P37.2	21300
·	· · · I2a1b M423	18400
·	· · · · I2a1b2 L621	11300
·	· · · · · I2a1b2a CTS10936	6600
·	· · · · · · I2a1b2a1 L147.2/CTS10228	5300
·	· · · · · · · I2a1b2a1a S17250	2200
·	· · · · · · · · I2a1b2a1a2 Y4882	1850
·	· · · · · · · · · I2a1b2a1b Y4460	2200
·	· · · · · · · · · · I2a1b2a1b1 Y3118	2200
·	· · · · · · · · · · · I2a1b2a1c Z17855	2200
·	· · · · · · · · · · · · I2a1b2a1d A2512	2200

## Пример 7. Гаплогруппа J1

Представлен 67-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа J1

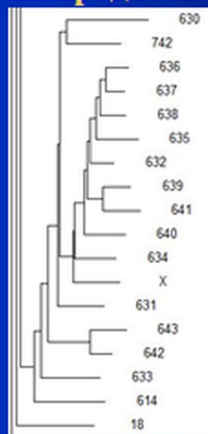
12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 – 17 8 9 11 11 26 14 21 25 12 14 16 17 – 11  
 10 20 22 15 14 20 19 31 36 12 10 – 11 8 15 16 8 11 10 8 11 9 12 21 22 18 10 12 12  
 15 8 12 24 21 13 12 12 14 12 12 11

Слева внизу – дерево J1 из 67-маркерных гаплотипов (X – представленный гаплотип), справа – из 111-маркерных гаплотипов.



## Пример 7. Гаплогруппа J1

Ветвь в окружении представленного гаплотипа X:

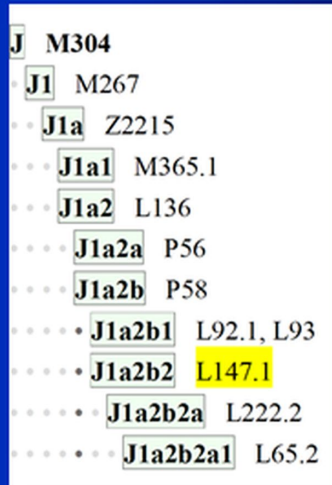


Большинство из гаплотипов принадлежат евреям – Presser (634), Fisher (635), Cohen (636), Aron Shirek (637), Avigdor Kohn (638), Moshe Weisinger (639), Katz (640), Cohen (641), Gutfrajnd (642), Katz (643). Гаплотипы 630–633 – из Италии и (один, 632) из Польши.

J1a2-L136 > **J1a2b2-L147.1** > Z2313 > Z1884 > Z640

## Пример 7. Гаплогруппа J1

Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа:  
J1-M267 > J1a2-L136 > P58 > **J1a2b2-L147.1**

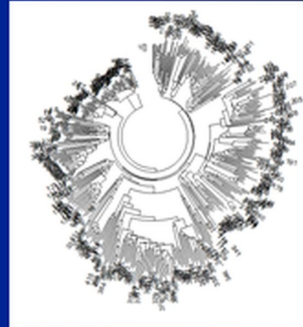
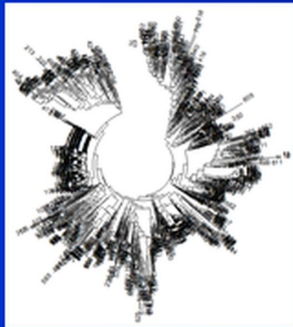


## Лекция 18 Пример 8. Гаплогруппа J2

Представлен 26-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа J2-M172, предок – татарин из Казани.

12 23 13 10 15 17 12 14 11 29 17 14 20 31 11 12 15 15 19 9 22 0 24 21 35 36

Слева внизу – дерево J2 из 23-маркерных гаплотипов, справа – из 67-маркерных гаплотипов.





## Пример 8. Гаплогруппа J2

Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа:

J2-M172 > J2a-M410 > L26 > PF5087 > PF5197 > **YSC0000246**

J	M304	43000
J1	M267	31600
J2	M172	31600
J2a	M410	27900
J2a1	L26	18200
J2a1-	PF5087	16400
J2a1-	PF5160	16400
J2a1-	PF5197	15700
J2a1-	PF5172	15600
J2a1-	YSC0000246	15600
J2a1-	Y8992	1750
J2a1-	PF5116	16400
J2a1-	PF5119	16400
J2a1-	Z6065	13600
J2a1a	M47	12800
J2a1-	L558	14700
J2a1b	M67	14700
J2a1b-	Z467	12200
J2a1b-	L210	12200
J2a1b-	Z489	4900
J2a1b-	Z500	12400

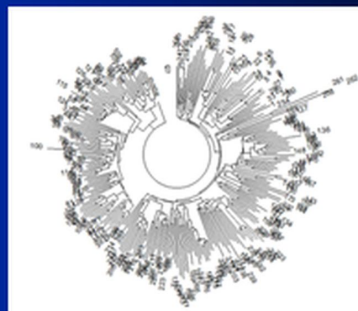
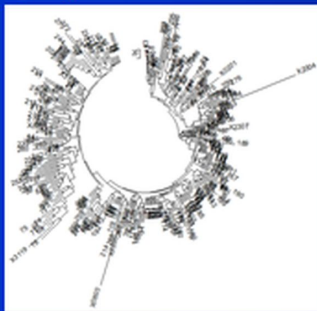
## Лекция 18

### Пример 9. Гаплогруппа N1c1

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа N1c-M178

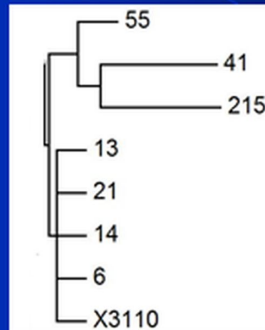
14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 25 14 19 29 14 16 10 21

Слева внизу – дерево N1c1 из 18-маркерных гаплотипов, справа – из 111-маркерных гаплотипов (общий предок жил  $3100 \pm 270$  лет назад).



## Пример 9. Гаплогруппа N1c1

Ветвь в окружении представленного гаплотипа X3110:



Гаплотип 14 – князь Гагарин, рюрикович. Гаплотипы 6, 21, 13 – рюриковичи князь Хилков и другие, без имен. Остальные гаплотипы – Южно-Балтийской ветви, снип L550 (куда относятся рюриковичи)

14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 25 14 19 29 14 16 10 21	(X3110)
14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 25 14 19 29 14 16 10 21	(Гагарин)
14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 24 14 19 28 14 16 10 21	(Кропоткин)
14 23 14 11 11 13 10 14 14 30 25 14 19 29 14 16 10 21	(Хилков)

## Пример 9. Гаплогруппа N1c1

Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа: N1c1-M46 > M178 > L708 > L1026 > VL29 > L550 > Y4338 > Y4339, и затем один из двух вариантов, Y4339 > Y5611, или Y4339 > Y12104.

... N1c1 M46	
... N1c1a M178	14100 лет назад (Юго-Восточная Азия)
... N1c1a1 L708	11900 лет назад (евразийская ветвь)
... N1c1a1a L1026	6100 лет назад (Центральная евразийская ветвь)
... N1c1a1a1 VL29	4100 лет назад
... N1c1a1a1a L550	3300 лет назад (Южно-балтийская ветвь)
... N1c1a1a1a- Y4338	2800 лет назад
... N1c1a1a1a- Y4339	2600 лет назад
... N1c1a1a1a- Y5611	1750 лет назад
... N1c1a1a1a- Y12104	1750 лет назад
... N1c1a1a1a1 L1025	2800 лет назад (Западно-балтийская ветвь)
... N1c1a1a2 Z1936	4500 лет назад (Северная евразийская подветвь)

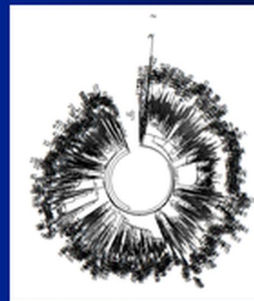
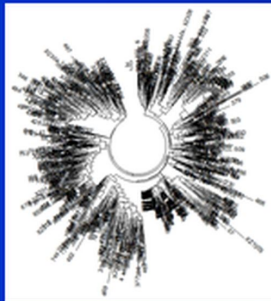
# Лекция 18

## Пример 10. Гаплогруппа R1a

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа R1a-M198

13 27 16 11 11 14 11 13 11 29 24 14 20 34 16 19 11 23

Слева внизу – дерево R1a из 853 18-маркерных гаплотипов, справа – из 111-маркерных гаплотипов (общий предок жил 4800±500 лет назад).



## Пример 10. Гаплогруппа R1a



Гаплогруппа R1a-Z280 состоит из трех основных ветвей – северо-евразийской Z92, и двух центрально-евразийских ветвей - S24902 и CTS1211.

Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа: R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > Z92 > Z685.

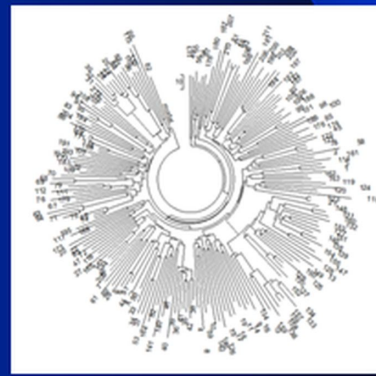
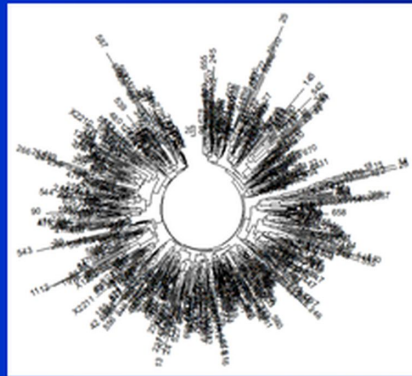


## Пример 11. Гаплогруппа R1b

Представлен 18-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа R1b-M269

12 24 14 10 11 14 12 13 13 30 25 15 19 33 16 20 12 23

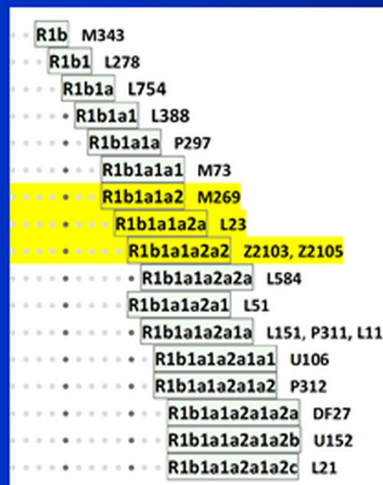
Слева внизу – дерево R1b из 704 18-маркерных гаплотипов (общий предок жил  $4200 \pm 420$  лет назад), справа – из 204 111-маркерных гаплотипов R1b-M269 (общий предок жил  $4800 \pm 500$  лет назад).



## Пример 11 Гаплогруппа R1b

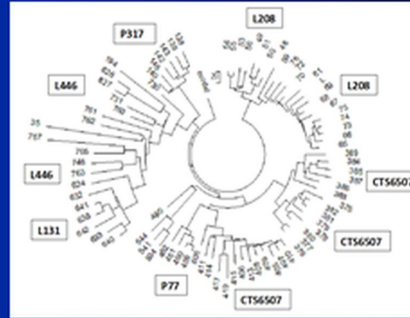
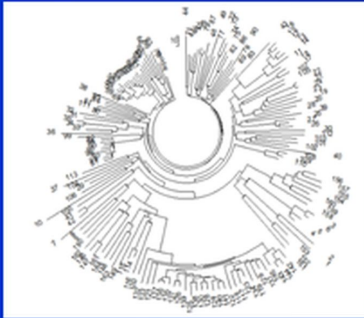
Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа:

R1b-M343 > ... > M269 > L23 > Z2103



## Пример 12. Гаплогруппа Т

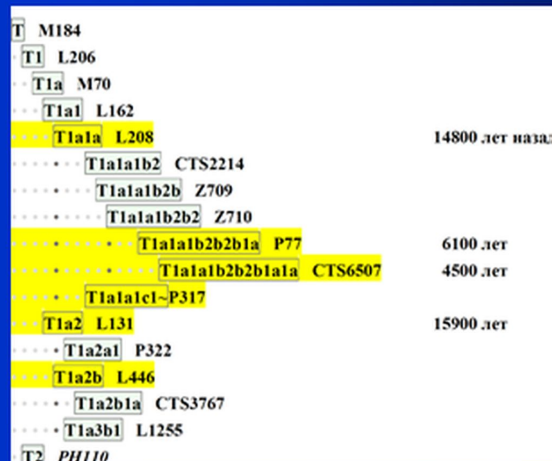
Представлен 37-маркерный гаплотип, сообщено, что гаплогруппа Т1. Слева внизу – дерево гаплогруппы Т из 164 гаплотипов в 111-маркерном формате (общий предок жил 7200±725 лет назад), справа – из 83 37-маркерных гаплотипов гаплотипов группы Т Восточной Европы. Общий предок ветви слева жил 5300±600 лет назад, общие предки остальных ветвей жили 790, 910, 1020, 1120, 1130, 1175 и 1370 лет назад. Имена на дереве справа - Лейб, Сруль, Эфраим, Гершель, Саул, Борух, Мордахай, Шломо, Изразль, Реувен, Шимон, Янкель, Хаим, Авраам, Элизер, Шмуль, Гершон, Моисей, Иеремия, Юфим, Бер, Саломон, Хирш, Иезекиль, Лазарь, Менахем, Ицхак, Аарон и подобные.



## Пример 12. Гаплогруппа Т

Анализ дерева гаплотипов и его ветвей привел к идентификации снипа представленного гаплотипа:

T-M184 > L206 > M70 > L162 > L208





# **Лекция 18**

## **Персональная ДНК-генеалогия**

### **ЗАКЛЮЧЕНИЕ**

**Персональная ДНК-генеалогия, в дополнение к документальной генеалогии, является мощным инструментом исследования родовой принадлежности людей и хронологии развития их наследственных линий.**

**Конец лекции 18**

# Прямая Линия

**А.А. Клёсов**

Большую часть этого выпуска Вестника занимает изложение содержания «Прямой линии», которая работала на сайте «Переформат» с начала апреля 2016 года, и затем, в июле 2017 года, перешла на ресурс «В контакте» [https://vk.com/topic-86388164\\_35615940](https://vk.com/topic-86388164_35615940). На Прямой Линии поднимались и продолжают подниматься важные вопросы ДНК-генеалогии, и не только ее, но и порой общие вопросы, порой и отчасти развлекательные. Было бы неправильно, если такое обилие информации останется погребенным в глубинах сетевого архива. Поэтому настоящей публикацией мы пускаем «Прямую линию» опять в информационный и научный оборот. Структура «Прямой линии» оставлена без изменений, и с минимумом редакционных правок.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 03:34](#)

Как я узнал из российских телевизионных дебатов – чуть ли не подавляющее большинство респондентов хотели бы вернуться в СССР, или родиться и жить там, поэтому хочу предложить читателям Переформата небольшую, но иллюстративную игру. На видео военный парад на Красной площади 1984 года:

<https://youtu.be/omm3QPMqyjc>



Вопросы – что за странная музыка марша? Возможно, молодежь подумает, что под такой марш и шли военные колонны на Красной площади. Другой вопрос – что за странные команды звучат? И еще – почему линк носит название Hell March? Мне это видео памятно тем, что именно так сопровождали ролик моего выступления в США, на тему о появлении Интернета в СССР. Так вот, кто ответит на эти вопросы? В США этот ролик вызвал реакцию типа «пугающий марш», или «нам всем конец».

*И. Рожанский* говорит:

[08.04.2016 в 04:57](#)

)) Как человек, равнодушный к компьютерным играм, впервые увидел этот ролик, но по названию линка быстро вышел на автора – американского композитора Фрэнка Клепацки (Frank Klepacki), сочиняющего музыку для компьютерных “стрелялок”. Кстати, [на фото в Википедии](#) он явно копирует по имиджу нашего Гарика Сукачева, скорее всего, не подозревая о существовании последнего, родившегося на 14 лет раньше. А если серьезно, если бы для саундтрека компьютерной игры взяли реально звучавшие на параде марши, то эмоциональное воздействие было бы намного сильнее. В прежние времена, да и сейчас, хорошо проведенный и срежиссированный парад часто производил эффект, сопоставимый с выигранным сражением. Не зря военные дирижеры во всех армиях носят те же звания, что боевые офицеры, вплоть до генеральских. Но по законам жанра вместо полноценной еды предлагается попкорн, а вместо боевых маршей – нечто, напоминающее паузу на рок-концерте, когда музыканты уходят попить водички и включают драм-машину, чтобы публика не заскучала.

*Сергей* говорит:

[08.04.2016 в 06:02](#)

Хорошо бы еще знать, какого года сам ролик. Музыка – понятно, одна из “металлических” групп. Пока писал свои предположения, Игорь Львович испортил всю интригу))). Хотя, признаюсь, я тоже залез в поисковик и вышел на этого композитора, соглашусь с Игорем Львовичем, такой “новодел” скорее смажет впечатление. Что за команды – тоже понятно, не буду приводить, что прочел в Википедии, скажу, что это попытка выставить русских как воинствующий и кровожадный народ. Почему ролик и саундтрек называется “Марш ада”, ну, тоже для соответствующих коннотаций у зрителя. В общем, эхо холодной войны всё это, грустно достаточно, хотя и не Россия в этом виновата, чтобы так Россию выставляли ей не нужно ни с кем воевать и никому вредить, а

просто достаточно быть сильной, это далеко не всех устраивает, особенно тех, кто привык всем указывать как жить.

В отношении мифа об “особой воинственности” русских, который так часто педалируют западные политологи и журналисты, я бы их отослал к просмотру кадра из фильма Терминатор 2, когда в Мексике два мальчика играют с игрушечными пистолетами, Джон Конор спрашивает Терминатора: “Мы обречены, вообще люди?”, а машина отвечает: “При вашей склонности к самоуничтожению – да”, и это вовсе не фильм советской или российской пропаганды и действующие лица там не русские, а некоторые и не люди даже.

А что касается того, что “чуть ли не подавляющее большинство респондентов хотели бы вернуться в СССР”, не думаю, что это так, есть ностальгия у более старшего поколения и есть запрос на сильное государство у молодого, как и у старшего, но вернуться сейчас в те условия, конечно, найдется немало людей, кто бы согласился, но отнюдь не большинство, вот попасть туда на время, другое дело. И еще, часто педалируется мнение, что мол свобода – это ценность русскому человеку чуждая, но ценность начинает приобретать смысл для конкретного человека тогда, когда она начинает ущемляться. Тем, кто разделяет такое мнение, хотел бы напомнить, что при моратории в России на смертную казнь самое строгое наказание – это лишение свободы, то есть жизнь и свобода – это две самые важные ценности, вот так метод от противного помогает понять значение ценности для человека.

*О. Дайнеко* говорит:

[08.04.2016 в 06:20](#)

Музыкальная аранжировка “адского марша” Фрэнка Клепацки, ставшая широко известной после выхода компьютерной игры “Command and Conquer: Red Alert; World in conflict – Soviet Assault”. Наиболее полно прояснить ситуацию могут видеоролики из этой игры по следующим ссылкам: [здесь](#) и [здесь](#). Весьма умело эксплуатируемые подсознательные страхи и стереотипы поколений западных обывателей. Информационная война, как говорится – “ничего личного”. Для того чтобы видеть в противнике вместо человека – врага, его необходимо демонизировать.

*Радмир* говорит:

[08.04.2016 в 13:05](#)

Это музыка из американской компьютерной игры Command and Conquer: Red Alert. Там жуткая клюква о Советском Союзе и русских. Из разряда “медведи и балалайки”, но не только. Музыку эту использовали

просто как американское клише о русских. Как, знаете, шутки “In Soviet Russia...”.

*Анатолий Кузнецов* говорит:

[08.04.2016 в 13:07](#)

Конечно, под такие марши никто никогда не ходил и ходить не будет. Тут мы видим выражение общего навязываемого нам «с верхов» тренда толерантности, так сказать, “пацифизации” и “демилитаризации” сознания. Жанр марша всегда был любим и востребован людьми, так как марш, как никакая другая музыка, способствует пробуждению чувства радости, прилива сил, целеустремленности, уверенности в себе. В условиях военного времени эта роль марша становилась первостепенной. Еще Плутарх, описывая военный строй спартанцев, подчеркивал тесную связь музыки с боевым духом воинов. Сейчас общемировая тенденция – изгнать марши из музыкального обихода. На раздачах в интернете в длинных списках популярных жанров марши отсутствуют напрочь. Тематические сборники нот с маршами у нас перестали издавать еще со времен Хрущева, прославившегося своим пацифизмом, гонениями на армию и запретом продавать танки и пистолетики в качестве детских игрушек. Хотя потом эти «волюнтаристские перегибы» Хрущева отменили, но гнет на марши остался. Если до революции марши занимали по тиражам место наравне с эстрадной и танцевальной музыкой, то теперь ноты многих старинных маршей были упрятаны в спецхраны. Так в свое время я долго рыскал по библиотекам в поисках старинного русского марша «Двуглавый орел». В конце концов, случайно отыскал его среди бумаг тестя под названием «Der Petersburger» в трофейном нотном сборнике.

Надо сказать, что русская и немецкая маршевая культура в XVIII-XIX в. развивались взаимосвязано и во многом параллельно. Конечно, у немцев было больше сочинений, но и в русской армии марши были на высоте. Многие из них исполнялись одновременно и в русской и германской армии (типа «Егерского марша»). Послевоенная денацификация послужила хорошим поводом отобрать у немцев из ФРГ все их традиционные марши (как правило, сочиненные 100-300 лет назад). Сохранить маршевую культуру сумели только в ГДР (как и традиционный для прусской и русской армии парадный «гусиный» шаг, которым в ФРГ нынче ходить не разрешается). В качестве главного парадного марша в ГДР использовался марш «Der Elisabether» Иоганна-Штрауса-отца, который по счастливому стечению обстоятельств при нацистах не был заигран. Популярен в ГДР был и «Йоркский марш» Бетховена. У нас все они сейчас звучат на Красной площади на ежегодных парадах «Кремлевские зори». Но только раз в году.

Что касается названия «Hell March» – этим названием в Штатах именуют агрессивный наступательный марш, нечто вроде нашей «психической атаки кашпелевцев». В их армейских самоучителях барабанной игры обязательно присутствуют один или несколько таких хелл-маршей. Но вся беда, что конкретно под этот марш Френка Клепацкого ходить невозможно. Он может только нагонять мрачную депрессию и служит для дискредитации маршевой музыки как таковой. Сейчас его широко используют и накладывают на кадры парадов всех армий мира – советской, российской, китайской, корейской, германской и т.д., когда хотят, чтобы у слушателей этот парад (или военный парад вообще) ассоциировался с неприятным психологическим осадком. Примерно такого же эффекта в свое время сумел достичь Шостакович, когда ему понадобилось изобразить фашистское нашествие в “Ленинградской симфонии”.

Все настоящие русские и советские марши сопровождались жизнеутверждающим, позитивным текстом. Как и слова старинных немецких маршей – они также основывались на незатейливых народных стихах. Государственная идеология Германии в 20 веке была, конечно, враждебной нам и агрессивной, но, тем не менее, в их солдатских песнях пелось в основном про девушек, любовь и цветы. Иначе марши не выполняли бы своей главной роли.

*Olga* говорит:

[08.04.2016 в 22:36](#)

Браво, ув. А.Кузнецов! Русские военные марши – своеобразная “музыкальная ПРО”, “музыкальный ядерный щит” армии России, это настоящее чудо, редкий культурный феномен. Если бы американцы увидели русские парады в сопровождении “Марша Преображенского полка”, “Марша Дроздовского полка”, маршей “Суворов”, “Прощание славянки”, “Марша авиаторов”, вальсов “На сопках Манджурии”, “Амурские волны”, они никогда бы не поверили в агрессивность русских: слагающий такую музыку, живущий под нее, идущий под нее в поход не может быть варваром! Интеллектуалы Франции, Италии, Германии, Испании, Японии, Китая, знающие русскую музыку, литературу, балет, инстинктивно испытывают к России доверие. Многие рассказывают, как в 90-ые американские советологи с восхищением говорили о культуре уже поверженного СССР и, кстати, советовали нашим либералам не уничтожать ее. Говорила об этом и Маргарет Тэтчер. Наши либералы грустили, кивали головами, вроде соглашаясь... Англо-саксонские музыковеды с завистью описывали феномен советской песни... Но, видимо, люди покруче решили, что русским пришла пора расстаться с собственной песней, музыкой навсегда: известен циркуляр для радиостанций России 90-х гг., в котором им предписывалось не



включать в программы русскую и советскую классическую музыку, народные песни, песни советских композиторов. Рекомендовалась в основном музыка англо-саксонского происхождения и новые песни постсоветской России... И только уже в 2010-х гг. появились некоторые признаки возрождения русского песенного искусства: в День славянской письменности и культуры в присутствии Патриарха на Красной площади исполняются лучшие русские и советские песни сводными хорами, трансляция хоровых распевов ведется из многих городов России. В Санкт-Петербурге в дни города сводные хоры исполняют замечательные наши песни... Возродилась традиция соревнований детских хоров... Если вернуться к англо-саксам, то они в массе своей мало интересуются искусством, культурой России, хотя понять их могут: оказывается, им не чужда оказалась живопись соцреализма, и картины Пластова, Гелия Коржева они считают гениальными, многие англо-саксы, услышав в популярном американском документальном сериале русское "Полюшко-поле", называли ее "великой песней". Поэтому идея собирать на "Кремлевской зоре" лучшие оркестры России и мира была плодотворной: в песне, в марше хорошо распознается национальный характер каждого народа. Беда в том, что транслируют "Зорю" только наши телеканалы. В то же время должна заметить, что единственное выступление за все годы "Московской зори", заставившее слегка испугаться, был как раз проход сводного оркестра вольнщиков из Шотландии, Англии, Ирландии. Эта была как раз та музыка, что взывала не к мужеству, доблести, но порождала тревогу, т.е. она была рассчитана восприятие врага...

Музыка - прекрасное орудие манипуляции сознанием... Наберите в Яндексe "Русские военные марши", получите огромное удовольствие от великой музыки, раскрывающей душу русского человека.

*Карпенко* говорит:

[08.04.2016 в 15:40](#)

Я встречал в интернете этот саунд "адского марша" Фрэнка Клепацки, наложенный на видео парадов китайской и северокорейской армий. Пугалка для тех, кто по художественным фильмам узнает историю. КНДР не воевала 62 года. Если сравнить с Францией, которая за последние 5 лет участвовала в боевых действиях в 7 странах (Чад, Мали, Нигер, Афганистан, Ирак, Ливия, ЦАР) + спецоперация в Камеруне. Таки Франция это Империя неокOLONиализма. Насколько я понял команды в марше, они ангоязычны и там первое - Равнение на право! Как у всех парадов.

*И. Рожанский* говорит:

[09.04.2016 в 07:40](#)

Спасибо Анатолию Кузнецову за исчерпывающий комментарий о маршах. Могу от себя добавить только личные впечатления от маршей Императорской армии Японии первой половины XX века, которые порой доводится слушать из оборудованных киловаттными динамиками автобусов, на которых разъезжают местные ультранационалисты. Для русского уха они воспринимаются как “адские марши”, от которых веет неприкрытой агрессией. Создается это, насколько могу судить, из-за присутствующих в них мотивов традиционной японской музыки и непривычной для европейского уха вокальной манеры исполнения. Будучи по происхождению частью немецкой традиционной музыки, марш легко адаптируется под менталитет и музыкальные традиции любого народа, и, если эти традиции не совпадают, то это и создает элемент диссонанса, который мы воспринимаем как знак тревоги или агрессии. Если для нас такое впечатление оставляет марш британских вольтыжников, то я не уверен, что британцы не услышат то же самое, например, в “Прощании славянки” или марше из фильма “Белорусский вокзал”. Ф. Клепацки, перед которым стояла утилитарная задача написать саундтрек для игры, рассчитанной на людей из стран с разными музыкальными традициями, убрал из марша любой намек на национальный колорит, и наложил мелодию на аккомпанемент в стиле “хэви-метал”, что бьет напрямую по подсознанию, минуя культурные традиции разных народов.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 23:31](#)

Несколько слов в завершение исходного вопроса про марш 1984 года на Красной площади. По музыке – все верно, это саундтрек из альбома S&C 1996 года. Сам марш – не видеоигра, просто музыка к нему подверстана. Ничего конкретно антироссийского я там не вижу, этот же саундтрек сопровождает множество парадов других армий, и не только парадов, а разнообразных видео, правда, как правило, с военным уклоном. На меня сам парад на видео вовсе не производит отталкивающего впечатления – напротив, он «заряжает», поднимает тонус, наверное, потому что я среди маршей вырос – мое детство вплоть до окончания средней школы прошло в военном городке, название которого сейчас большинству людей в России, наверное, знакомо – это Капустин Яр, и тогда это была крупнейшая ракетно-космическая военная база страны. Байконур – это детище Кап-Яра. Так вот, отделения, взводы и роты маршировали постоянно по проспектам этого городка под песни самих солдат, реже под оркестр. Наверное, потому я оказался командиром отделения на нашей военной месячной практике в Подмоскowie после завершения четвертого курса Университета, и учил в свободное время маршировать неспортивную молодежь из моего отделения, у которых это никак не получалось.



Мне тоже понравился сжатый, но насыщенный обзор Анатолия Кузнецова про марши. Можно добавить про необычные марши – боевой тяжелой кавалерии, столетия назад, в основном в 17-19 вв., когда марш предназначался для боевых скакунов, и был создан для их уха, для этого подобраны и инструменты, и тональность марша. Он играет на поле сражения, и тяжеловозы шагают под марш мерно и слаженно, держа строй, и неотвратно накатываясь на линию противника, единым сплошным фронтом. На нужном от противника расстоянии коней бросают вперед (бросают и всадники, и оркестр), и они лавой буквально сносят линию обороны. Есть представления, что при исполнении маршей тяжелой кавалерии кони впадали в состояние транса, другие марши на них не действовали. А тяжеловозы – потому что всадников в тяжелых латах не всякая лошадь вынесет. Потому же всадники тяжелой кавалерии для стрельбы не спешили, иначе обратно им было бы уже не подняться.

Наконец, завершение про духовые оркестры, теперь уже корабельные. Это – выдержка из очерка «Русская эскадра в Бостоне» из книги «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд-во МГУ, 2010 год): *А завершение визита кораблей – это была феерия. Пронзительный отход кораблей, с которых на весь Бостон играли духовые оркестры – Дунайские волны, Прощание славянки, и лицо мокрое почему-то, и толпа рыдающих девиц на берегу... Лейтенанты-то мои действительно не промах оказались, еще и романы за неделю успели... И бостонцы, срывающие с руки часы на память нашим морякам – уже не лейтенантам, конечно, а матросам. И матросы, царапающие в ответ записки с адресами – деревня такая-то, такой-то район, область... И водяной салют с американских кораблей, которые перекрестно и непрерывно били пыльными струями куда-то вверх и навстречу друг другу, и наши крейсера шли под этими водяными арками, сверкающими на солнце тысячами радуг. И мокрые от этих брызг корабельные оркестры все продолжали и продолжали играть духовые щемящие вальсы... 1975 год.*

*Romeo* говорит:

[08.04.2016 в 04:01](#)

Здравствуйте, уважаемый Анатолий Алексеевич! Вы много говорили о гаплогруппах, о национальностях и этносах, а также, что ДНК-генеалогия оперирует не понятием “национальность”, а понятием “род”. Немного запутался, мой вопрос такой: можно ли благодаря анализу ДНК по гаплогруппам и гаплотипам понять, кто был в моём роду 100-300 лет назад: украинцы, белорусы, поляки и т.д. или нет?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 11:22](#)

Теоретически в некоторых случаях возможно, практически – очень трудно. Дело в том, что украинцы, белорусы, поляки «и т.д.» – это относительно недавние категории, а гаплогруппы образовались десятки тысяч лет назад. Субкладам тоже тысячи лет, когда «украинцев», например, как таковых не было. Их вообще не было до недавнего времени, нынешняя Украина составлена из кусочков, которые еще недавно относились к разным государственным образованиям. И это относится ко многим странам.

Нынешний украинский национализм исторических корней по сути не имеет. Это – идеология, причем искусственная, культивируемая, марионеточная. Мир разделен политическими границами, национальными, порой религиозными, которые и определяют политические границы, а рода, то есть фактически гаплогруппы и субклады, образуют свою картину, часто совершенно пятнистую, пролегающую поперек политических и национальных образований.

Поэтому, определяя гаплогруппы, субклады, гаплотипы, вы не определяете национальность, или религию, или партийность. Вы идентифицируете род. Но иногда, а порой и довольно часто, группы гаплотипов образуют «кластеры», которые присущи одной территории, одному этносу, одной национальности. Так получается, и это, так сказать, «медицинский факт». Просто столетия назад жил предок на данной территории, и потомки тоже жили там же, и образовали некое ядро. Некоторые разъехались, но основное ядро популяции продолжает жить там же. Это часто бывает в горных территориях, с малой степенью перемешиваемости, но бывает и на равнине. Тогда определение гаплотипа позволяет выявить принадлежность к такому кластеру.

Например, в нашей фамильной деревне Клёсово Курской области потомки одного предка жили более 300 лет на одном месте, и создали такой «кластер» почти одинаковых гаплотипов. Фамилия у всех тоже одинаковая. И вот ко мне обратился житель Волгодонска, по имени Константин, с той же фамилией, и сообщил, что его дед, с той же фамилией, никогда не говорил, откуда он родом, но когда выпьет, называл себя «курский соловей». Поэтому Константин решил сделать себе тест на гаплотип, с надеждой, что он «наш». Оказалось, что его гаплотип точно такой же, как и у жителей деревни Клёсово. Нужно было видеть его радость – обрел историческую родину. Оказался потомком детей боярских, старого дворянского рода. Так что русский он. Как видите, иногда гаплотипы дают территориальную привязку по предкам.

Еще пример – евреи гаплогруппы R1a имеют практически одинаковые гаплотипы, вплоть до 111-маркерных. Мутаций – минимальное количество. Их общий предок жил всего 1300 лет назад, потому и мутаций мало. Я, например, их гаплотипы могу на глаз определить, без

вариантов. Так и говорю – вы еврей, гаплогруппы R1a. Ни разу не ошибался. Вот вам и корреляция – хотите, с религией, хотите, с этносом. А по сути – с родом, с субкладом.

Вывод – как общее правило не работает, но много примеров, когда гаплотип является характерным для определенной популяции. Но тот еврей гаплогруппы R1a может по национальности оказаться поляком, израильтянином, русским, украинцем, евреем, белорусом, американцем, венгром и там далее. Род – не изменяется, а национальности – категория переменчивая. Как и партийность.

*Сергей Иванович Сухарев* говорит:

[08.04.2016 в 04:13](#)

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич! Огромное спасибо за Вашу работу! Вы говорите, что именно женские митохондрии определяют расовый тип. Не могли бы Вы популярно объяснить, какие существуют митохондрии и их распространение?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 11:25](#)

>> *Вы говорите, что именно женские митохондрии определяют расовый тип.*

Нет, я так не говорю. На самом деле мужчина и женщина – равноправные партнеры при определении расового типа. Но есть разные ситуации. Например, А.С. Пушкин. Не было бы Ганнибала в его предках, не было бы у А.С. Пушкина негроидности. Так что здесь Абрам Петрович Ганнибал сдвинул его расовый тип, через своего сына Осипа и дочь Осипа Надежду, мать А.С. Пушкина. Так что здесь не только мать Надежда через свою мтДНК определила антропологию А.С. Пушкина, а прадед Ганнибал по цепи потомков. При этом Христина (жена Ганнибала), Мария (жена Осипа) и Сергей (муж Надежды) активно разбавляли метисацию А.С. Пушкина, сами будучи европеоидами. Но если в русскую деревню прибудет негритянка, то ее брак с русским жителем деревни даст негроидных детей. Кто сыграл в этом роль? Негритянка, ясное дело. Но не своей мтДНК, а всем своим геномом, точнее, частью генома, ответственным за расовые признаки. Так что Ваша формулировка неверна, хотя понятно, что Вы имели в виду.

>> *Не могли бы Вы популярно объяснить, какие существуют митохондрии и их распространение?*

Советую набрать в Гугле слово «митохондрия» и почитать. Можно начать с Википедии. Зачем мне здесь дублировать?

Александр из Петербурга говорит:

[12.04.2016 в 01:32](#)

Анатолий Алексеевич, геном же сосредоточен в хромосоме, верно? В том числе и антропологические признаки. Помню, вы приводили снимки трех поколений монголоидов с женами европеоидного типа и их детьми. Каждое следующее поколение все более походило на европеоидов.

Давайте проведем два мысленных эксперимента: 1. Юноша расы1 волей провидения оказался и продолжает свой род по мужской линии исключительно в окружении людей расы2 и наоборот; 2. Девушка расы1 волей провидения оказалась и продолжает свой род по женской линии исключительно в окружении людей расы2. Чисто условно обозначим мужскую хромосому расы1 – Y1, расы2 – Y2, а женские соответственно X1 и X2 (здесь индексы это чисто антропологическая принадлежность хромосомы, т.е. X2(или Y2) у одного человека отличается от X2(или Y2) другого человека той же расы, общее у них только антропологические признаки).

Тогда в 1 варианте мысленного эксперимента цепочка поколений отцов и сыновей последовательных поколений (поскольку следующий потомок каждый раз будет брат в жены девушку расы2, других вариантов у него просто нет) будет выглядеть так:

Y1X1 – юноша расы1, попавший в окружение расы2  
Y1X2 – его сын  
Y1X2 – его внук  
Y1X2 – его правнук  
Y1X2 – его праправнук

И через несколько поколений мальчики приобретают (как мы видели в вашем примере с фотографиями монголоидов) антропологические черты расы2.

Для второго эксперимента с девочками (мамы и их дочери), поскольку следующий потомок каждый раз будет выходить замуж за юношу расы2, других вариантов у неё просто нет, имеем следующую картину последовательных поколений девочек:

X1X1 – девушка расы1, попавшая в окружение расы2  
X1X2 – её дочь  
с 50% вероятностью X1X2 или X2X2 – её внучка  
с 25% вероятностью X1X2 или 75% вероятностью X2X2 – её правнучка  
с 12,5% вероятностью X1X2 или 87,5% вероятностью X2X2 – её праправнучка  
и т.д. с уменьшающейся каждый раз вдвое вероятностью рождения

X1X2...

Через несколько поколений у “внучек” антропологические черты расы<sup>2</sup> вытеснят антропологические черты расы<sup>1</sup>.

Анатолий Алексеевич, не получается ли из этих двух умозрительных примеров, что именно женская половина человечества отвечает за разнообразие существующих антропологических рас человечества? Или что вклад мужской хромосомы в антропологию существенно меньше вклада в антропологию женской хромосомы?

*И. Рожанский* говорит:

[12.04.2016 в 19:00](#)

Примеры настолько умозрительны, что, видимо, в них неявно принимается, что девочки рождаются путем почкования. У них же тоже есть отцы, и половину своего генома они передают дочерям, кроме одной-единственной Y-хромосомы. Так что не стоит преувеличивать вклад женщин в формирование расовых признаков. Вклад обоих полов можно считать равным.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[12.04.2016 в 23:18](#)

*>> ...не получается ли из этих двух умозрительных примеров, что именно женская половина человечества отвечает за разнообразие существующих антропологических рас человечества? Или что вклад мужской хромосомы в антропологию существенно меньше вклада в антропологию женской хромосомы?*

Игорь Львович уже ответил на этот вопрос. Я добавлю только то, что арифметика здесь не подходит, картина сложнее. Есть понятия доминантности и рецессивности, есть передача неожиданно длинных (или неожиданно коротких) фрагментов ДНК из более глубоких предков, и так далее. Я-то другое имел в виду в более раннем комментарии в другой теме. А именно, если у неафриканцев выжил всего один человек примерно 64 тысячи лет назад, у которого выжило потомство, то без участия женщин другой расы на Земле развилась бы только одна раса, если не принимать во внимание возможную адаптацию под природные условия. Но природные условия не сделают за несколько десятков тысяч лет монголоидные лопатовидные передние зубы, если антропологи утверждают, что они передаются уже более миллиона лет. А основных рас несколько. Это означает, что в их создании принимали участие выжившие женщины другой расы (других рас). Это не значит, как кто-то написал раньше – «мужчины погибли, а

женщины выжили», для этого достаточно, чтобы выжило всего немного женщин другой расы (других рас). В этом смысле я написал, что расы на Земле создали женщины. Или, по-другому, созданные ранее расы подхватили немногие выжившие женщины, и эти расы воссоздали. Одна мужская ДНК-линия этого сделать бы ни смогла. Надо сказать, что все эти рассуждения имеют скорее статус интеллектуальных игр. Как было на самом деле – мы не знаем.

*Сергей* говорит:

[08.04.2016 в 04:43](#)

Замечательное нововведение, эта «Прямая линия»! Надо сказать, оно назревало, мне тоже приходила эта идея в голову. Первый блок вопросов прямо к ДНК-генеалогии и смежным дисциплинам не относится, но, тем не менее, где еще спросить как не здесь. Уважаемый Анатолий Алексеевич, впечатляет Ваша работоспособность, как Вы всё успеваете, когда и как умудряетесь отдыхать? Что можете посоветовать для тех, кто хочет добиться большей продуктивности для себя, особенно ленивым? И, не пафосной пропаганды здорового образа жизни ради, насколько занятие спортом влияет на эффективность умственного труда? Как это коррелирует и ощущается? Спасибо!

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 11:32](#)

Уважаемый «Сергей», Вы меня вынуждаете переходить красную черту в описании себя. Есть чувствительные натуры, на которых это производит плохое впечатление. Но поскольку Вас это интересует, и, признаюсь, мне такой вопрос задают довольно часто, то рискну, немного себя пересилив. Дело в том, что моя работоспособность проявилась только к окончанию школы. До этого ни я, ни, видимо, никто другой ее не замечали. В школе я учился средненько, и единственное, что меня отмечало, это то, что я был чемпионом школы по спортивной гимнастике. Но для средней школы это достижение небольшое. В итоге я перешел в вечернюю школу, и пошел работать, а вечером, как положено, учиться. И вот здесь что-то изменилось. Вечернюю школу я закончил на одни пятерки, на работе (в воинской части, в ходе учебы) стал секретарем комсомольской организации в/ч 74322 в свои 16 лет, и в характеристике, выданной в воинской части для поступления в МГУ, была отмечена та самая высокая работоспособность. И так далее, та же формулировка преследовала меня всю жизнь, пока выдавали характеристики. В МГУ я был член сборной Университета по спортивной гимнастике, закончил МГУ с отличием, и все годы был в комитете комсомола факультета, занимаясь учебно-научной работой. Несколько раз работал в студенческих бригадах в Казахстане и на Сахалине.

Так и поехало дальше. Большой спорт, правда, я оставил еще на третьем курсе, потому что надо было выбирать между спортом и учебной-наукой, а наукой я занялся уже на втором курсе, но «малый спорт», для себя, никогда не оставлял. После окончания МГУ, был оставлен на работу там же, в Университете; через два с лишним года, первым на курсе из 300 человек, защитил кандидатскую диссертацию, и в 30 лет – докторскую, и тут же стал профессором химии в МГУ. По сообщению ВАКа, я был самым молодым доктором наук и профессором по химии в СССР. Ну, и так далее. Что было дальше – знают те, кто прочитал мою книгу «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд-во МГУ, 2010).

Что такое быть ленивым – не знаю, поэтому посоветовать ничего не могу. Наверное, это неспособность фокусироваться на том, что надлежит делать. Но это означает, что почему-то нет мотивации. Значит, ее надо придумать. Мотивация должна быть на что-то ориентирована – у одних на профессиональные успехи, четко сформулированные, у других на деньги (что часто коррелирует с первым, но является вторичным), у третьих на семейное благополучие (что часто коррелирует с первым и вторым), у четвертых – на соревнование с самим собой, «через не могу», просто из принципа, как образ жизни. У меня, например, мотивации на деньги никогда не было, но по какой-то причине они сами собой появлялись как результат других мотиваций.

Отдыхаю я в ходе мотиваций, так получается. Просто «отдохнуть», как времяпровождение, мне это понятие не очень знакомо. «Отдохнуть» получается само собой, в ходе перерывов между периодами работы. Но не как цель. Хотя в театр иногда хожу. Бываю на стрельбище, пострелять, у меня есть несколько боевых пистолетов и дальнобойных винтовок. Есть лицензия на скрытое ношение оружия, что я обычно не делаю, то есть скрыто не ношу, да и зачем? В машине боевой пистолет тоже не вожу, хотя имею полное право. Иногда бываю на охоте. Но это каждый раз с усилием, потому что отрывает от дел, которых всегда много. Дела – это по моей работе по созданию новых лекарств против острых воспалительных патологий (рак, фиброзы), по работе в судах как научный эксперт, по консультациям промышленным компаниям по созданию новых композиционных материалов. Поскольку сейчас многое можно делать на расстоянии, по Интернету, то я этим пользуюсь по максимуму – каждый год на полгода уезжаю на маленький остров в экваториальной Атлантике, и работаю отсюда, где сейчас и нахожусь. Остров всего 10 на 10 км, я живу практически на пляже, и здесь условия, идеальные для работы. Но хорошо, что жена часто отвлекает от работы, иначе сидячий образ жизни может сделать форменным инвалидом.

Поскольку Вы задали вопрос об «умственном труде и спорте», отвечу конкретно на конкретном примере. Я встаю каждый день в пять утра, иногда в 4:30. Сразу за компьютер, и через час-полтора я на пляже,

встречаю рассвет в виде солнца, выходящего из моря. Сейчас это – в 6 утра. Встречаю не пассивно, а в ходе спортивной ходьбы по пляжному песку, норма – 5500 шагов энергичным темпом, считает счетчик шагов. Потом заплыв примерно на 800 метров, опять энергично, в паре с женой. Она, кстати, моя однокурсница по МГУ, кандидат химических наук. Потом, после завтрака, опять за компьютер. Это опять на несколько часов, в сумме примерно 10 часов в день, бывает и 12 часов. Но это перемежается еще парой заходов на пляж, где я обычно читаю статьи и отвечаю на мейлы, поскольку портативный компьютер с собой. Это ощущается хорошо, потому что работа продуктивная. Я понимаю, что такой режим не всякому подойдет, но и у меня такой был не всегда. До такого режима надо, так сказать, дойти, но это тоже следствие мотиваций и их исполнения, о чем речь шла выше.

*Анатолий Афанасьев* говорит:

[08.04.2016 в 12:35](#)

Здравствуйте Анатолий Алексеевич! Благодарю Вас за прекрасную работу в области ДНК-генеалогии. Ваша биография является “образцово-показательной” и явится примером для большого количества ваших со-работников.

*Карпенко* говорит:

[08.04.2016 в 05:39](#)

Были ли анализы ДНК ископаемых останков, которых можно было отнести ко времени и месту проживания, соответствующим Майкопской археологической культуре? Такой же вопрос с Хаттами. Если было, то к каким гаплогруппам принадлежали.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 14:07](#)

Нет, пока не было, во всяком случае, я не видел. Но судя по положению костных останков (на спине и на боку), в майкопской культуре будет по меньшей мере два слоя – R1b и R1a, возможно, и J. Археологи пишут, что «в майкопской культуре корни расходятся в разные стороны», и гадают, как это объяснить. А оно объясняется именно тем, что там в разные времена сошлись разные миграции – сначала эрбины с севера, примерно 6500-6000 лет назад, еще во времена до ямной культуры (которую датируют 5300-4600 лет назад), потом арии с северо-запада (4300-4000 лет назад), а до этого, возможно, J с юга, из Месопотамии и Ирана (примерно 7000 лет назад). Вот и посмотрим, что покажут ископаемые ДНК.



Относительно хаттов, то были хатты и хетты, причем самоназвание последних по некоторым сведениям было хатти. Поэтому во избежание путаницы, обычно, употребляя их названия, сообщают дополнительные сведения, о каком государстве речь, и на каком языке эти люди говорили. На хаттском – более древние хатты, это ныне мертвый язык; на хеттском – хетты, язык их признан индоевропейским. Дополняет картину и то, что хеттское царство в Малой Азии и государство (или царство) Митанни (с их известными митаннийскими ариями) в Северной Месопотамии были фактически рядом, и в разные периоды времени территориально пересекались. Скорее всего, хеттские арии и митаннийские арии вышли из одного и того же (или родственного) источника, а именно с Русской равнины, и определенно окажутся в основном носителями R1a. Но возможен вариант, что общий источник окажется на Балканах, и что хетты прошли в Малую Азию напрямую с Балкан, а митаннийские арии – с Русской равнины. Кстати, Митанни – это часть современной Сирии. Но гадать можно много, например, что более древние хатты были гаплогруппы G или J, а может, и реликтовых R1a, которые остались в Анатолии со времен древних миграций предков ариев на запад, в Европу. В общем, если там проанализируют много ископаемых ДНК, то картина мира тех времен и на тех территориях станет более понятной.

*И. Рожанский* говорит:

[08.04.2016 в 17:39](#)

>> *были хатты и хетты, причем самоназвание последних по некоторым сведениям было хатти.*

Самоназвание хеттов, язык которых был расшифрован Б. Грозным, было “несили” или “канесили”, а самоназвание хаттов (экзоэтноним в ассирийских и древнееврейских источниках) неизвестно. Различие этнонимов “хатты” и “хетты” – это результат соглашения специалистов в русской школе историков Древнего Мира. В оригинальных источниках, например, библейской Книге Царств, использовалось одно и то же слово – “хеттеи” в Синодальном переводе или “hittites” в английской Библии.

Вопрос с гаплогруппами этих народов пока представляет из себя целый клубок загадок, но вот с гаплогруппами хурритов, составлявших основу жителей Митанни, некоторые подсказки есть. Это, возможно, “анатолийские” ветви гаплогруппы R1b, а именно Z2103 и дочерние к ней L277 и L584.

*Владимир Карамышев* говорит:

[08.04.2016 в 10:49](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич. Я пишу от имени нашей группы однофамильцев, которая насчитывает более 1000 человек. Существует такая легенда, что в 15 веке, устав от притеснений татарского хана, к Ивану Грозному прибыли несколько знатных татарских родов с просьбой взять их под свое покровительство. Царь милостивым указом принял их, даровав им при этом дворянский титул. С тех пор они ассимилировались с русичами. Много наших однофамильцев участвовало в исторических событиях с тех веков (имеются исторические документы). Во время революции, войн и репрессий многие носители нашей фамилии утеряли или добровольно уничтожили документы и саму память о своих корнях, чтобы выжить. В настоящее время реально сохранилась документально подтвержденная лишь одна ветвь родословного древа. Имеется так же 67-значный код Y-ДНК потомка этого рода. Участники нашей группы (пока 15 чел. заведомо не родственников) прислали мне, как активисту и модератору группы, свои образцы эпителия. Мы очень хотели бы узнать, откуда же происходили наши предки, был ли у нас общий предок 500 лет назад и к какой все же гаплогруппе мы относимся – с татарскими корнями или русскими? Уважаемый Анатолий Алексеевич, возможно ли наше участие в каком-то из ваших проектов и на каких условиях? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.04.2016 в 22:56](#)

*>> Мы очень хотели бы узнать, откуда же происходили наши предки, был ли у нас общий предок 500 лет назад и к какой все же гаплогруппе мы относимся – с татарскими корнями или русскими? ...возможно ли наше участие в каком-то из ваших проектов и на каких условиях?*

Уважаемый Владимир, создание фамильных проектов – очень важная тема, особенно когда она подкреплена данными ДНК-генеалогии. Конечно, то, что для коллектива из 1000 человек только 15 решили пройти ДНК-тест, и только один имеет 67-маркерный гаплотип (который может как раз выпасть из общего ряда) – это немного, но большего для начала ожидать не приходится. Как только эти 15 получат свои гаплогруппы-гаплотипы, и организатор оповестит о результатах остальных, думаю, что покатится как снежный ком.

Я предлагаю начинать не с 67-маркерных гаплотипов, а с простеньких 17-маркерных, вкуче с гаплогруппой, причем по минимальному набору снупов, типа (для R1a) Z93 и Z280. Татарские R1a будут, скорее всего, иметь Z93, это типичные центрально-азиатские гаплотипы, потомки скифов, а до того – исторических ариев. В русских R1a будут преобладать Z280. Но проявятся, конечно, не только они, а и R1b, I2a, G2a, Q, N и так далее. Так что даже минимальное тестирование позволит представить общую картину, и ответить на многие вопросы. А потом

уже желающие могут заняться более глубокими снипами и протяженными гаплотипами.

Советую Вам создать свой семейный Проект Карамышевых в рамках Академии ДНК-генеалогии. Но лучше это сделать немедленно после первичного тестирования, потому что тогда станет яснее, по какому пути идти дальше. Сейчас Академия завершает создание Лаборатории ДНК-генеалогии, и, возможно, прием заказов начнется уже в апреле, или в крайнем случае в первой половине мая. Если нет – это будут плохие новости, значит, опять что-то пошло не так у наших партнеров. Надеемся, что этого на этот раз не случится. Ждите сообщения на Переформате о начале работы Лаборатории, и описание того, к чему мы пока пришли. Пока партнеры смогли осилить только скромный вариант тестирования, но то, что описано выше – входит в схему тестирования.

*И. Рожанский* говорит:

[09.04.2016 в 09:04](#)

*>> только один имеет 67-маркерный гаплотип (который может как раз выпасть из общего ряда)*

Этот гаплотип есть в базе данных IRAKAZ, и принадлежит он к очень редкой ветви L784, имеющей, очевидно, корни в Прибалтике. Если гаплотип не выпадает из общего ряда, то проверка на этот снип может оказаться хорошей отправной точкой для проверки участников проекта на родство, причем в бюджетном варианте. Такие метки можно рассматривать как редкую удачу – многие хорошо изученные семейные линии их не имеют, и участники вынуждены тратить большие средства на продвинутые тесты.

*Владимир Карамышев* говорит:

[09.04.2016 в 10:14](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич. Огромное вам спасибо за то, что вдохнули в наш проект новую струю свежего воздуха. Для меня это как второе дыхание, т.к. я бьюсь с этим проектом, который мы организовали в своей группе однофамильцев в “Одноклассниках”, уже три года. Очень рассчитываю на “снежный ком”. Я лично общался более чем с пятистами своих однофамильцев, объясняя, пропагандируя современные возможности ДНК-генеалогии, рассылая и анализируя анкеты, отбирая потенциальные кандидатуры для участия в проекте, но тенденция складывается удручающая. Мужчин все меньше и меньше, а молодежь, как “иван-не-помнящий-родства”, еще не достигла того уровня, с которым приходит осознание и понимание значения владения знаниями истории своих предков. С уважением, Владимир Карамышев.

*Сергей* говорит:

[09.04.2016 в 14:02](#)

Уважаемый Владимир! Можете попробовать запустить ваш проект у нас в группе ВКонтакте [“ДНК-генеалогия как историческая наука”](#), а мы поможем.

*Маргарита Лебедева* говорит:

[10.04.2016 в 09:48](#)

Молодёжь надо присоединить к [странице Академии ДНК-генеалогии на Фейсбуке](#). Там в популярной форме даются определения терминов ДНК-генеалогии и цитаты из статей Анатолия Алексеевича Клёсова и ведущих специалистов в этой области. Так им будет легче и привычнее получать незнакомую информацию! С уважением, администратор страницы, Лебедева Маргарита.

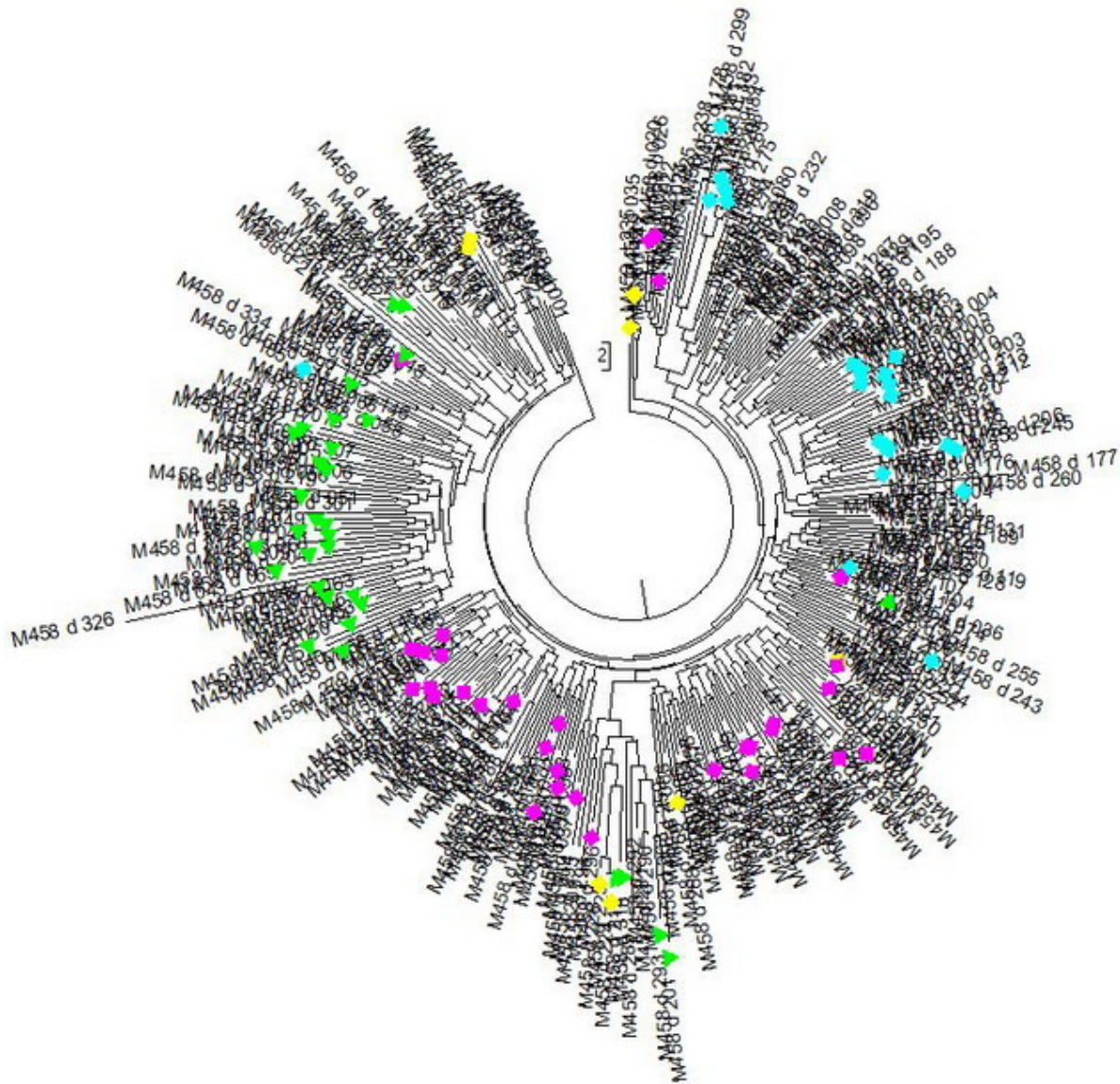
*Евгений В.* говорит:

[08.04.2016 в 11:02](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, в ожидании открытия лаборатории и получения результатов моего тестирования, пытаюсь понять, насколько плотно группируются деревья гаплотипов по снипам. Для примера взял Западную славянскую ветвь (Western Slavic R-L260), как одну из наиболее вероятных (мой прапрадед 130 лет назад, будучи музыкантом унтер-офицерского звания в составе Моршанского полка, попал в Ярославль из центральных районов Польши, в то время находившихся в составе Российской империи). Дерево строил на основе 64-маркерных гаплотипов из базы IRAKAZ Public с сайта Академии ДНК-Генеалогии, на дереве отметил цветами снипы Y2905 (голубым), YP414 (фиолетовым), Y4135 (желтым), YP1337 (зеленым). По данным сайта YFull снипы Y2905, YP414, Y4135 образовались 2000 лет назад, YP1337 – 2500 лет назад ± погрешность. Как видно, они сгруппировались довольно плотно, однако, есть участки, где цвета идут в разнобой, как, например, в нижней части картинки. От чего это происходит? Ведь общий предок для каждого снипа жил достаточно давно (2000 лет назад и более), а гаплотипы представлены в хорошем разрешении. Может 64 маркера недостаточно для таких времен?

Немного поясню, для чего мне это. Сделав анализ в Московской ДНК-лаборатории, я узнаю свой гаплотип и «глубокий» снип. По снипу определю нужную часть дерева, для примера YP1337 (зеленый сектор). Откинув лишние ветви, среди оставшихся, можно будет смотреть время жизни общих предков и наиболее близкие гаплотипы для поиска

региона откуда мои предки попали в центральную Польшу, а может там и жили тысячу лет. Заранее благодарю за ответ!



[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.04.2016 в 00:52](#)

>> ...пытаюсь понять, насколько плотно группируются деревья гаплотипов по снипам.

Группируются неплотно. Дело в том, что снипы и гаплотипы опираются на разные показатели. Первые – на необратимые мутации в Y-хромосоме, вторые – на обратимые мутации в маркерах. Если первые –



фиксированы, но относительно редкие, то вторые – более частые (в протяженных гаплотипах), но не фиксированы. Поэтому вторые образуют «облака», которые перекрываются друг с другом. Чем больше снипов, тем более заметны перекрывания «облаков», каждое из которых ассоциируется с определенным снипом. Поэтому если построить дерево, например, для гаплогруппы R1b в Европе, из тысячи гаплотипов, которые расходятся по четырехстам снипов, то дерево будет симметричным, но на нем – каша из снипов. Никакого четкого расхождения по снипам не будет. Ветви будут в основном фантомными, и в каждой снипы чередуются как хотят. Датировки каждой «ветви», если не обращать внимания на снипы-субклады, покажут времена разумные, между 2500 и 4500 лет до общего предка, и «концептуальную» информацию это дает – это, во всяком случае, не 20 и не 10 тысяч лет, но «детального смысла» в этом нет. Нужно выбирать из этой каши поштучно гаплотипы только одного снипа, и для них вести расчеты. Но и это, как правило, фантомы, потому что гаплотипы часто «недотипированы», в базе данных указано R1b-L21, а там на самом деле R1b-L21-M222, и это совершенно рядовая ситуация.

Именно потому я все время подчеркиваю, что надо четко определить, на какой вопрос ищется ответ, и какой инструмент есть в руках. Если в руках штангенциркуль, то не пытайтесь найти ответ на уровне микронов. Если в руках бинокль, не замахивайтесь на поиски «черных дыр» во вселенной. Гаплотипы часто «налезают» один на другой (из других снипов), например, у него DYS19 = 16, а всего одна мутация делает DYS19 = 17, и он уже перебрался в другую ветвь. А снип – предыдущей ветви. Поэтому надо всегда оперировать как снипами, так и гаплотипами (стирами), причем знать, насколько глубоко по снипам прошло типирование. Желательно всегда знать, это терминальный снип, или просто глубже не типировали. Но точно знать – это бывает редко. Поэтому не размахивайтесь на якобы точные исследования, по гаплотипу и шапка. И наоборот, по снипу и шапка.

*>> Сделав анализ в Московской ДНК-лаборатории, я узнаю свой гаплотип и «глубокий» снип.*

К сожалению, пока нет. Я уже отметил выше, что наш партнер пока решил ограничиться простеньким набором снипов и всего 17-маркерными гаплотипами. Все наши старания уговорить его, партнера, пойти на глубокие снипы и на протяженные гаплотипы, натываются на опасения, что, мол, потратим многие сотни тысяч, а то и миллионы долларов, но цена тестирования будет настолько высокой, что все дело рухнет. Поэтому партнер решил пойти «степ-бай-степ», постепенно, шажками, и постепенно наращивать глубину тестирования. Иначе говоря, ориентация пока будет на тех, для кого любой результат будет в новинку, типа тестирование Карамышевых, см. выше. Для тех, у кого уже есть десяток снипов и 67-маркерный гаплотип, придется или ждать

неопределенный срок, или обращаться в FTDNA (например). Это огорчительно, но в данной ситуации у нас вариантов просто нет – или всё прекратить, или довольствоваться пока малым. Так что ждите соответствующего объявления на Переформате.

*Дмитрий* говорит:

[08.04.2016 в 16:18](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич. Какие есть данные по гаплогруппе Черченского человека и другим Таримским мумиям и их отношению к тохарам, уйгурам либо ариям? Имеют ли они отношение к Иссыкскому золотому человеку или Пазырыкской культуре?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.04.2016 в 00:53](#)

Гаплотипов нет, поэтому сказать что-либо определенное нельзя. Вообще никто из перечисленных Вами не охарактеризован на гаплотипы Y-хромосомы. А гадать смысла нет. Мы не занимаемся «фолк-истори» или «альтернативной историей». Это они сочиняют данные, а мы не имеем права. Как говорил И. Ньютон – «Гипотез не измышляю», имея в виду измышления без исходных данных.

*И. Рожанский* говорит:

[09.04.2016 в 08:44](#)

В диссертация Ли Хунцзе, защищенной в ун-те Цзилинь в 2012 году, в таблице на стр. 41 есть STR одного из таримцев с кладбища Сяохэ в формате Yfiler:

DYS393 DYS390 DYS19 DYS391 DYS385a DYS385b DYS439 DYS389I DYS392  
DYS389II DYS458 DYS437 DYS448 Y-GATA-H4 DYS456 DYS438 DYS635

13 20 14 10 16 16 12 13 X 30 15 15 20 11 14 X 26

Это что-то очень далекое от известных ветвей R1a. Либо вымершая линия, либо что-то не так намерили. В той же таблице есть гаплотипы гаплогрупп N и Q из других находок, и их STR достаточно обычны для них. Пока что с древними людьми из Таримкой котловины больше вопросов, чем ответов.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.04.2016 в 08:43](#)

Если гаплотип определили правильно, то у него общий предок с гаплотипами группы R1a Русской равнины жил примерно 23 тысячи лет назад. Случайно или нет, но это датировка образования гаплогруппы R1a (20-22 тысяч лет назад), определенная и по мутациям в гаплотипах, и по снипам.

С.В. говорит:

[08.04.2016 в 20:04](#)

Здравствуйте, уважаемый Анатолий Алексеевич! Вокруг соотношения понятий “этнос”, “национальность” и (для таких многонациональных государств, как РФ) также “общая для всех граждан страны нация” сломано много копий, чуть ли не до драк, т.к. не было ясной “физической” (биологической основы) для того фактора, который неявно, но всё же ощущался, наверно, большинством тех, кто интересуется проблемой объективного (не политизированно-идеологизированного) определения сущности названных выше понятий, как не только определяемый выбором самого субъекта, основной его речью и др. социальными факторами, но определяемый также именно биоосновой. По Вашему мнению, можно ли сказать, что теперь такой биофактор (на основе гаплотипов) наукой установлен, в соотв. с чем можно, хотя бы в целом, сказать про эту остро воспринимаемую многими триаду примерно следующее: 1) этнос – определяется этим фактором (как личный профиль основных родов конкретного человека); 2) национальность – определяется выбором субъекта, основной для него речью и др. социальными и психологическими факторами (кто, по их самоопределению и местопроживанию, были 3-4 колена предков и др.); 3) принадлежность к общегосударственной нации – юридически определяемое гражданство?

Если да, то можно ли тогда сказать, что сейчас, впервые в истории, появляется шанс перестать ломать копья вокруг нацвопроса, апеллируя, например, к проблеме метисов и потому заявляя, что-де “эти сущности – целиком условны”, чем приводит к гневному несогласию с этим национально остро восприимчивых людей (ведь эти споры можно теперь прекратить потому, что у метисов тоже можно выявить доминирующий гаплотип?), т.е. с позиции науки теперь только для гражданства может признаваться в этом вопросе условность, неопределенность (люди с двумя или более гражданствами) – тем более, что последнее в этом вопросе в целом менее чувствительно для людей (за исключением прав и обязанностей госчиновников, что касается явного меньшинства людей), чем 1-ое и 2-ое?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.04.2016 в 00:54](#)

ДНК-генеалогия не занимается этносами, национальностями, нациями, как и партийностью или расами. Скажем, поляки и русские имеют во многом одинаковые гаплотипы, а этнос разный. Разный язык, разная в целом религия. А рода во многом одни и те же. ДНК-генеалогия занимается родами, поскольку каждый имеет свои характерные метки, по которым можно проследить их древние миграции, следовательно, историю.

*Юрий Ларичев* говорит:

[08.04.2016 в 23:04](#)

Анатолий Алексеевич! Читатели сайта "[Русские времена](#)" активно интересуются вашей деятельностью и продолжают оставаться вашими друзьями. Не забывайте нас.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.04.2016 в 01:11](#)

Уважаемый Юрий Анатольевич, мы не забываем, не забывайте и Вы.

*Дмитрий* говорит:

[09.04.2016 в 13:10](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, спасибо за то, что Вы делаете. Это очень важная и нужная работа. Планирую сделать анализ днк. Вопросы:

1. С какого ресурса начать? Ftdna или 23andme? (Насколько понял, у ftdna можно доплачивать и постепенно выйти на полный анализ 111). Цели анализа: анализ здоровья и происхождение.
2. На данный момент понимаю, что работа по расшифровке достаточно объёмна и сложна. Подскажите, предоставляете ли Вы услугу по расшифровке и пояснениям результатов или можете посоветовать специалиста, к которому обратиться, а также стоимость данной услуги?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.04.2016 в 08:47](#)

Я не знаю, что такое «анализ здоровья» в данном контексте, но в любом случае это не ДНК-генеалогия. И если бы я даже знал, что Вы имеете в виду, я бы не рекомендовал доверять важные вопросы медицинской

диагностики ни той, ни другой компании – без детального анализа истории результатов такого тестирования для каждого конкретного случая. Вы хотите, чтобы Вам предсказали, скажем, рак, а на самом деле таких показаний нет, они ошиблись? А жизнь Ваша с такого момента уже фактически поломалась. Такими вещами должен заниматься лечащий врач, со специальным образованием и ответственностью за свою диагностику.

Что касается тестов на гаплотип и гаплогруппу, я не имею права советовать зарубежные компании, потому что отправка туда образцов противоречит российскому законодательству, если отправка предполагается из России. Поэтому здесь есть несколько вариантов – либо отправлять так, чтобы не противоречило, либо дождаться начала работы Лаборатории ДНК-генеалогии в Москве. Но здесь опять есть варианты, зависящие от того, что Вам конкретно нужно. Как бы Вы ответили на вопрос – «посоветуйте, какой автомобиль купить?».

Так и с тестом на «происхождение». Я сам, например, последовательно проходил много этапов тестирования – начал с 12-маркерного гаплотипа и гаплогруппы. Оказалась – R1a. Для начала мне этого было достаточно. Потом, по мере углубления интереса, переходил в тестировании с уровня на уровень. Сейчас я знаю свой 431-маркерный гаплотип, и десятки своих снипов. Вам это сейчас нужно?

Типичный пример – мне на днях прислали результаты тестирования из 23andMe, 56 страниц снипов с детальными описаниями положения на Y-хромосоме и перечислениями замен нуклеотидов, и этот египтянин, что прислал, пишет – помогите разобраться, я ничего в этом не понимаю. Вы хотите оказаться на его месте? Он и меня ставит в неловкое положение, приходится ему отвечать, что вы меня за кого-то другого принимаете. Вы, мол, сообщаете, что вы от меня хотите? Правда, в этом конкретном случае я чисто случайно увидел в этом длинном списке то, что отвечало на его вопрос, немедленно ему ответил, и он был счастлив.

Поэтому я новичкам советую – не замахивайтесь на то, в чем вы не разбираетесь, довольствуйтесь малым, закажите себе для начала 17-маркерный гаплотип и гаплогруппу, и уже это принесет вам новое знание, причем немалое. Это будет делать московская Лаборатория ДНК-генеалогии, но в отличие от других подобных тестирований в других компаниях, она будет выполнять дополнительные заказы на интерпретацию результатов тестирования. Не хотите дополнительной интерпретации – и замечательно, нет проблем, кому-то гаплотипа и гаплогруппы уже достаточно. Хотите копнуть глубже – такая возможность есть. В отношении стоимости – это уже рассказывалось на Переформате ранее, и десятки человек уже такой интерпретацией воспользовались. Те же, кто начальный этап уже прошли, и прошли (или



пройдут) тестирование в FTDNA на глубокие снипы и протяженные гаплотипы, тоже могут получать интерпретацию в Академии ДНК-генеалогии, примеры интерпретаций публиковались на Переформате.

*Сергей* говорит:

[09.04.2016 в 14:22](#)

Вопросы о лаборатории [у нас в группе](#) задаются постоянно, передаю самый популярный вопрос от подписчиков: когда уже откроется лаборатория?! Вопрос следующий, как я успел прочитать, теперь уже планируется тестировать максимум на 17-и маркерные гаплотипы вместо озвученных 23-х маркерных, будет ли заявленная возможность работы с палео-ДНК? Чем Московская лаборатория ДНК-генеалогии будет отличаться от гослаборатории РАН и немногочисленных (пока) конкурентов? Да, второй по популярности вопрос, сколько будет стоить ДНК-тест?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.04.2016 в 19:32](#)

>> ...передаю самый популярный вопрос от подписчиков: когда уже откроется лаборатория?!

Нетерпение задающих вопросы понятно, но надо также понимать механику, так сказать, ответа. Я и сейчас не могу ответить на этот вопрос, поскольку текст договора с партнерами все еще обсуждается. Это может произойти в этом апреле, может отодвинуться на май, может сорваться вообще, и всё начнем сначала. Объяснения – ниже.

Надо понимать механику и самой проблемы. Чтобы открыть лабораторию, надо как минимум иметь группу специалистов по превращению образца слюны в гаплотип, гаплогруппу и снипы, причем это превращение должно быть отработанным и проверенным на известных примерах (но ответ на которые неизвестен данным специалистам). Это условие необходимое, но не достаточное. Назовем эту группу специалистов исполнителями. Далее, эти исполнители должны иметь парк оборудования, которое стоит больших денег. Далее, эти исполнители должны закупить необходимые расходные материалы, и эти материалы разные по стоимости для, скажем, 17-, 23-, 37-, 67- и 111-маркерных гаплотипов, и эта стоимость растет примерно пропорционально протяженности гаплотипов. Да, еще небольшая деталь – можно купить расходные материалы только для первых двух форматов гаплотипов, для последних трех их нужно создавать самим, или войти в договор с теми, которые их уже создали (все – иностранные компании). Далее, исполнители должны закупить расходные материалы

для определения гаплогрупп и сніпов, причем для закупки надо заранее сформулировать задачу – сколько сніпов, помимо самих основных гаплогрупп, надо включать в обязательный список определения, и он должен быть одинаковый для всех. Список сніпов (помимо гаплогрупп) варьируется от двадцати (то есть всего по одному дополнительному сніпу на гаплогруппу) до десятков тысяч. Цена тоже растет примерно пропорционально. Далее, нужно создать инфраструктуру Лаборатории – это система получения образцов слюны от тестируемых, система обработки данных и система регистрации и оповещения тестируемых, система бухгалтерии, система хранения тысяч образцов, и так далее.

Наконец, каждый вопрос нужно согласовывать с исполнителями. По каждому, как показал опыт, мнения расходятся. Как показал опыт уже нескольких лет, для исполнителей вы, тестируемые, это некая масса, которая приносит деньги и забирает результаты. Для Академии ДНК-генеалогии это – живые люди, многих мы знаем лично или по переписке, и мы искренне хотим, чтобы вы платили по минимуму, а получали результаты по максимуму и быстро. И вот в этом, как показывает опыт уже многих лет, мы кардинально расходимся со всеми исполнителями, с которыми работали. Если коротко – все, с кем мы до сих пор работали, нас в итоге не устраивали – по откровенному рвачеству, по этике работы, или по тому, что оказывались посредниками в тестировании, хотя позиционировали себя исполнителями. А посредничество завышает цену тестов выше разумной, потому что посредники себя, естественно, не забывали. Ни в одном случае, как показал предыдущий опыт, исполнители не болели за вас, за тех, кто заказывает тест. Они исходили из приоритета своих заработков, чтобы делать меньше, а получать больше. Иногда за счет навязывания вам, в нагрузку, своих тестов, которые к ДНК-генеалогии не имеют отношения. Этого мы принять никак не могли. Некоторые (а на самом деле большинство) не придавали значения оперативности коммуникаций, они пропадали неделями и месяцами, и было ясно, что вот так и будет идти тестирование. Нас это устроить не могло. Особенно когда нам ставилось условие сначала собрать с вас деньги, передать им, а далее начинать работу. Этого мы никак принять не могли. Поэтому в каждом случае хорошего, делового и этического сотрудничества не получалось, и дело разваливалось. В одном случае все было замечательно, и исполнитель был крупным специалистом, и организация с репутацией, и взаимное понимание было, но он ушел искать инвестора, и пропал, это было уже больше года назад. Видимо, ищет до сих пор. На связь с тех пор не выходит. Или стесняется сказать, что не нашел, потому что был уверен, что найдет. Но это не наш вопрос – искать причины, наш – чтобы было дело. А нет человека – значит, нет дела. Эта преамбула является необходимой, чтобы понять, почему вопрос с Лабораторией так затягивается.

Сейчас ситуация выстраивается, и мы бережно относимся к тому, что дело идет к созданию Лаборатории. Сейчас мы находимся, как я упомянул выше, в стадии обсуждения договора между нами и исполнителем. Но прежние ситуации во многом повторяются, и уже ясно, что это неизбежные реалии, во всяком случае, в России. А вся идея в том, чтобы создать Лабораторию в России, и чтобы деньги из России не выходили, и чтобы не нужно было посылать образцы за рубеж, и чтобы заняться здесь ископаемыми ДНК, и многое другое, важное для развития этого направления в России, а не где-то еще.

Так вот, исполнитель хочет начать с минимальных тестов, а именно 17-маркерного гаплотипа и гаплогруппы, плюс один-два снипа. И это уже выходит на стоимость примерно 15 тысяч рублей за гаплогруппу и гаплотип. Мы продолжаем сбивать цену, но пока наталкиваемся на нежелание исполнителя ее уменьшать, во всяком случае, заметно. Нас уверяют, что это нереально. Возможно, нам удастся ее сбить на тысячу-две рублей, но это ситуацию намного не изменит. Этим мы сейчас и занимаемся в ходе обсуждения договора. Если мы будем очень настойчивы, дело может опять развалиться. Вот и смотрите сами, как отвечать на вопрос «когда откроется?». Если выходить на 23-маркерные гаплотипы, цена неизбежно увеличится. Если выходить на десять-двадцать снипов для каждой гаплогруппы, цена сильно увеличится. Если выходить на глубокие снипы, как мы предполагали ранее, цена удвоится, а то и утроится. При этом никакой исполнитель на это не пойдет, так как крупные финансовые вложения будут сделаны, а заказчиков будет мало, если будут вообще. Тогда исполнитель обанкротится, или во всяком случае понесет крупные убытки. Напоминаю, что цена биочипа с несколькими тысячами снипов – примерно 150 тысяч долларов (примерно 10 миллионов рублей), и это не включая расходные материалы.

Поэтому исполнитель предлагает начать с малого, и затем постепенно увеличивать протяженность гаплотипа и число снипов, возможно, дойдя и до глубокого снипования на тысячах снипов. Когда это будет возможным – покажет динамика работы Лаборатории. Помимо того, исполнитель согласен постепенно, возможно, в течение года, выйти на анализ ископаемых ДНК. Для этого пока достаточно 17-маркерных гаплотипов и гаплогрупп с несколькими дополнительными снипами. А для большинства новичков этого тоже достаточно, во всяком случае, для начала.

*>> Чем Московская лаборатория ДНК-генеалогии будет отличаться от гослаборатории РАН и немногочисленных (пока) конкурентов?*

Тем, что будет делать персональную интерпретацию получаемых результатов. Этого не делает ни одна лаборатория или компания в мире. То, что они делают – это рассылка шаблонных сведений о том, что

означает та или иная гаплогруппа. Интерпретацию гаплотипов вообще никто не делает. Далее, цитата выше в таком виде – слишком неконкретна. Если Вы (или кто другой) сообщите, что именно выдает в виде результатов «гослаборатория РАН» и сколько это стоит, и сколько времени занимает, то вопрос будет более конкретным.

Так что свободы маневра у нас пока нет. Если мы выйдем на тысячи заказчиков, то это, и только это даст возможность потенциальным инвесторам заинтересоваться принципиальным развитием тестирования до глубоких снипов и протяженных гаплотипов. Пока для них российские заказчики – это кот в мешке. Никто из них не верит, что в России найдется много желающих, во всяком случае, что найдется скоро, чтобы оправдать инвестиции. Они исходят из категорий рынка, а не из благородных целей, и это совершенно объяснимо в мире бизнеса.

Надеюсь, я ответил на поставленные вопросы. Если кто-то считает, что ответы недостаточные или необоснованные, и дело надо решать более оперативно и обстоятельно, то надо подкрепить это мнение вложением – для начала – 15 миллионов рублей, и принятием делового участия во всех этапах рационального использования этих денег. В остальном никаких гарантий я дать не могу. Это, наверное, понятно.

*Сергей* говорит:

[10.04.2016 в 20:01](#)

Да, на мой взгляд, Вы дали исчерпывающий ответ, оповещу об этом группу, большое спасибо, Анатолий Алексеевич!

*Павел К.* говорит:

[09.04.2016 в 15:36](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Мои представления об историческом пути человечества резко изменились год назад, когда я обнаружил сайт Rereformat.ru и Ваши статьи, а затем книги. До этого приходилось читать фантазийные статьи о том, как человек вышел из Африки, расселился по миру, ну и съел всех неандертальцев. Прочитал все Ваши статьи, статьи Ваших соратников – Рожанского, Грот, Пауля, с комментариями, которые также очень интересны. Многие темы прояснились. Воистину молекулярная история! Но есть вопрос о древних греках: пеласагах, лелегах, карийцах, ахейцах, дорийцах, ионийцах – откуда пришли, чьи они? Ведь с них начиналась раньше история, как точка отсчета. Это теперь понятно, что перед этим были десятки тысяч лет напряженной, очень насыщенной событиями жизни. Но многие вопросы современной политической жизни уходят корнями в древнегреческие времена, Троянскую войну, до греков. Прежде всего это вопрос о гуманизме,

который сейчас очень проблематизирован. Возможен ли обзор по древним грекам, их происхождению?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.04.2016 в 08:49](#)

Уважаемый Павел, то, что Вы упомянули вопросы современной политической жизни и «вопрос о гуманизме», фактически перечеркнул вопрос о ДНК-генеалогии, да его у Вас по сути и не было. Вы же не ожидаете ответа на «вопрос о гуманизме», когда адресуетесь к физике или химии. То же и к ДНК-генеалогии. Это – естественные науки. Они гуманизмом не занимаются. Они сухо и конкретно описывают явления окружающего мира, сейчас, в прошлом, и пытаются предсказать их же в будущем. Многие о древнем мире мифологизовано, романтизовано, и по сути имеет мало отношения к тому, что на самом деле было. «Корни», о которых Вы пишете, тоже во многом придуманы, сглажены, сдобрены фантазиями. И как Вы полагаете, в каком виде ДНК-генеалогия даст ответ, что ожидаете от такого ответа? Какое место там займет гуманизм? Да и вообще, что там в гуманизме сейчас «проблематизировано»? Судя по тем данным, что сейчас есть, древние греки произошли в значительной степени от древних египтян. Ну и как это решит «вопрос о гуманизме»? Обычно, когда задается вопрос, хорошо бы представлять, в каком виде будет получен ответ. Ну и в каком виде он в данном случае представляется, если вопрос о «происхождении греков»?

[Геннадий](#) говорит:

[09.04.2016 в 16:12](#)

После [исследования Y-хромосомы неандертальца](#) из пещеры Эль-Сидрон стало известно, что в Y-хромосоме современного человека нет неандертальских фрагментов ДНК, а время разделения линий неандертальцев и современного человека по Y-ДНК оценено в 588 тыс. лет назад (95% доверительный интервал: 447-806 тыс. лет назад). Ранее стало известно, что такая же ситуация сложилась и с митохондриальными гаплогруппами – нет неандертальского вклада. Получается, что неандертальцы три раза скрещивались с сапиенсами и все три раза их гаплогруппы вырождались, как пишет Дмитрий Адамов, “в полном соответствии с теорией ветвящихся процессов Гальтона-Ватсона”. В случае с сапиенсом Oase-1 утверждается, что этот индивид имел в числе своих недавних предков неандертальца (в предыдущих 4-6 поколениях) и уже при этом был обладателем Y-хромосомной гаплогруппы F и митохондриальной гаплогруппы N. Возникает вопрос, так были ли скрещивания между нашими предками и неандертальцами на самом деле?



[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.04.2016 в 08:52](#)

>> ...стало известно, что в Y-хромосоме современного человека нет неандертальских фрагментов ДНК... такая же ситуация сложилась и с митохондриальными гаплогруппами – нет неандертальского вклада.

Да, общая картина свидетельствует в пользу именно такого вывода. Но неугомонные попгенетики постоянно педалируют своё любимое детище – «admixture», и компьютерными сложениями, вычитаниями, и «семь на ум пошло» показывают, что где-то на уровне единиц процентов, а то и долей процента есть нечто, которое то ли в излишке, то ли в недостатке, и вот это – ура! – и есть «admixture». Это «admixture» никак не характеризуют, ни гаплогруппами, ни субкладами, ни гаплотипами, оно нечто аморфное, а это именно то, что очень любят попгенетики. Потому что оно не проверяемо, а это то, что им надо. Потому что под это можно и базу подвести, типа «в полном соответствии с теорией ветвящихся процессов Гальтона-Ватсона». Про аналогии, сюда можно с таким же успехом и инопланетян пристегнуть, которые «три раза скрещивались с сапиенсами и все три раза их гаплогруппы вырождались», «в полном соответствии с теорией ветвящихся процессов Гальтона-Ватсона». Замечательно беспроблемная вещь. Ну кто же под это гранты не даст?

>> *Возникает вопрос, так были ли скрещивания между нашими предками и неандертальцами на самом деле?*

Вопрос, на мой взгляд, некорректен. Потому что никаких свидетельств или доказательств нет. Возможно, кто-то где-то когда-то и скрестился, чего на свете не бывает? Возможно, инопланетяне кого-то где-то когда-то и похищали, чего на свете не бывает? Возможно, где-то когда-то по планете бегал сферический конь в вакууме, кто знает? Но наука такими вопросами не занимается. Дело не в том, что какое-то событие могло где-то когда-то произойти, а в том, что к тому есть объективные и проверяемые доказательства. Когда говорят, что они скрещивались, но все вымерли, потому не ловятся «в полном соответствии с теорией ветвящихся процессов», то это профанация, а не наука.

[Антамон](#) говорит:

[10.04.2016 в 15:01](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Хочу сообщить, что прошла юбилейная конференция в Воронеже – “Воронеж древний, Воронеж изначальный”. Ваш трёхтомник “Экспертизы...” фигурировал на ней, т.к. в “ВК” около десятка раз упоминается Воронеж. Видеоотчёт

посмотреть можно [здесь](#). Кстати, предложены некоторые доказательства аутентичности древнего памятника.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:19](#)

Уважаемый Антамон, большое дело осуществили – конференция по донскому краю в долетописную эпоху. И сайт богатый на иллюстрации и комментарии.

*аманжол* говорит:

[10.04.2016 в 21:39](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, я совсем недавно стал интересоваться ДНК-генеалогией, и с уверенностью скажу, эта научная дисциплина заинтересовала. В связи с этим у меня возникли вопросы. Вопрос первый: можно ли считать реликтовую гаплогруппу R (точнее носителей реликтовой гаплогруппы R) протоевропейской? Вопрос второй: если образование от реликтовой гаплогруппы R отделяется гаплотипы более 20 тыс. лет назад, значит ли это, что распад протоиндоевропейской семьи произошёл в то время (синокавказцы и айну подтверждение этого распада)? В том случае, если эта гипотеза приобретет научное подтверждение, то это будет означать полный пересмотр всей концепции эволюции языков, а это потянет за собой ревизию “универсальной истории”. В таком случае, что же происходило в эпоху энеолита вместо распада ПИЕ языка?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:22](#)

>> ...можно ли считать реликтовую гаплогруппу R (точнее носителей реликтовой гаплогруппы R) протоевропейской?

Начнем с того, что гаплогруппа R сама по себе не реликтовая, она есть у половины мужчин-читателей «Переформата». По такой логике у нас глаза и уши, и руки с ногами тоже реликтовые. Вы, наверное, хотели сказать, что можно ли назвать тех людей, у кого впервые появилась гаплогруппа R, «протоевропейцами»? Но и этого сказать нельзя, потому что гаплогруппа R появилась, возможно, в Сибири, и ее нашли у ископаемого скелета в Южной Сибири, с датировкой 24 тысячи лет назад. Но Сибирь – не Европа, и тот человек, когда был жив, тоже не был европейцем. Но он был европеоидом, что вовсе не одно и то же, что европейцем. Европеоид – это антропологическое понятие, не привязанное к месту жительства или обитания. Европеоид – это

носитель определенного набора антропологических показателей. Европеоид – он и в Африке европеоид. Но самое главное – а зачем так считать? Ведь для этого должна быть определенная цель, или задача. Ну, назвали, а для чего?

*>> Вопрос второй: если образование от реликтовой гаплогруппы R отделяется гаплотипы более 20 тыс. лет назад, значит ли это, что распад протоиндоевропейской семьи произошёл в то время...*

Не то, что не значит, а в огороде бузина, при том что в Киеве дядька. Вы смешали совершенно разные понятия, как минимум – европейцы, европеоиды, и индоевропейские языки. Как следствие, все остальные вопросы у Вас не имеют смысла.

Александр (Красноярск) говорит:

[12.04.2016 в 09:34](#)

Выше Анатолий Алексеевич в теме о Черченском человеке писал:

*>> Если гаплотип определили правильно, то у него общий предок с гаплотипами группы R1a Русской равнины жил примерно 23 тысячи лет назад. Случайно или нет, но это датировка образования гаплогруппы R1a (20-22 тысяч лет назад), определенная и по мутациям в гаплотипах, и по снипам.*

Читал, что таримские мумии оставлены предками псевдотохаров, которые говорили на тохарских (агнео-кучанских) языках. Сохранились письменные памятники, относящиеся к 6-8 вв. н.э, написанные разновидностью письма брахми и содержащие, в основном, буддистские тексты. Сразу оговорюсь, что все мои “познания” подчерпнуты по большей части в википедии.

Интересно вот что. Некоторые лингвисты считают, что тохарские языки очень рано откололись от остальных ИЕ языков и значительно ближе к западным, нежели к индоиранским. Неужели, принимая во внимание вышеприведенную цитату, это “очень рано откололись” обозначает число порядка 20 тысячи лет? Возможно ли, чтобы за такое огромное время независимого развития языка сохранили достаточное сходство, чтобы их не только относили к одной семье, но и отмечали сходство с одними на фоне других? А если нет, и время разделения тохарских и прочих индоевропейских языков всё-таки ближе к нашему времени, то от кого псевдотохары могли их перенять? От эрбинов? Но их связывают с сино-кавказскими. Или не все выходцы с РР во времена арийской экспансии говорили на индоиранских языках, и часть из них, продвигаясь на восток, принесла этот своеобразный язык вместе с культурой в район Тарима, а носители генома РР пока просто не подвергались анализу, или по случайности не сохранились в

захоронениях, или до сих пор ещё не найдены? Было бы очень интересно увидеть результаты сравнения тохарских языков с другими ИЕ по стословнику. Уважаемый Анатолий Алексеевич, не могли бы Вы коротко прокомментировать эти вопросы?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[12.04.2016 в 23:22](#)

Уважаемый Александр, Википедия – не Ваш друг, когда речь идет о чем-то новом или недавнем. Всегда помните, что в Википедию пишет (как правило) неудачник, которому больше нечем заняться. И он представляет свое собственное мнение, то есть мнение неудачника, которому больше нечем заняться. Люди, которые работают на переднем фронте науки, в Википедию не пишут, у них более важные приоритеты. Иногда тот самый неудачник переписывает в Википедию то, что вычитал, например, что в ямной культуре нашли ископаемые ДНК гаплогруппы R1b. Если он не перепутал (такое бывает часто), то это условно-фактический материал. Условно – потому что могли перепутать и авторы статьи, из которой неудачник списал. Но обыкновенно неудачник в Википедию переписывает не факты (или условные факты), а интерпретации, или, что хуже, придумывает эти интерпретации сам. Такого в Википедии – масса. Я, например, когда смотрю в Википедию, всегда прикидываю, можно этим сведениям верить, или нет. Если там написано, что *«таримские мумии оставлены предками псевдотохаров»*, этому ни в коем случае верить нельзя, это неудачник просто высосал из пальца. Нет таких сведений. Поэтому эту часть давайте закроем.

>> *Интересно вот что. Некоторые лингвисты считают, что тохарские языки очень рано откололись от остальных ИЕ языков и значительно ближе к западным, нежели к индоиранским.*

Возможно, но при чем здесь таримские мумии?

>> *Неужели, принимая во внимание вышеприведенную цитату, это “очень рано откололись” обозначает число порядка 20 тысячи лет?*

Вы сами ответили на свой вопрос. Здесь нет даже предмета обсуждения, есть несколько несвязанных положений, которые не имеют отношения ни к тохарам, ни к тохарскому языку. Повторю – при чем здесь мумии? На днях на Переформате появится первая статья из серии по ДНК-генеалогии и археологии, и в одной из последующих статей будет краткое рассмотрение того, что мы знаем о тохарах в изложении нескольких археологов и лингвистов. Вы увидите, насколько эти мнения (или сведения) согласуются (или не согласуются) друг с другом.

*Andrey* говорит:

[10.04.2016 в 23:21](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, от чего зависят ментальные свойства личности, как Вы думаете? И еще, какое бы Вы определение дали термину “этнический русский”?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:24](#)

>> ...от чего зависят ментальные свойства личности?

От устройства конкретного мозга, наверное. Как говорит мой приятель-психиатр, не удивительно, что есть люди «со сдвигом», явно неадекватные; удивительно, что так много людей относительно нормальных. Потому что при астрономическом количестве в мозгу связей и переплетений удивительно, что там что-то может еще работать без особых замыканий.

>> какое бы Вы определение дали термину “этнический русский”?

Это проще. Наиболее простое определение – это тот, для кого родной язык русский, кто считает себя русским и чьи предки не менее трех-четырёх поколений жили на современной территории европейской части России.

[Алексей](#) говорит:

[11.04.2016 в 01:36](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Есть какие-либо предположения, как могли внешне выглядеть (фенотип) первые представители гаплогруппы N (R,I)?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:25](#)

«Как могли выглядеть» – это очень неконкретно. Думаю, что ранние N были скорее монголоидны, но могли иметь и другие специфические особенности, например, Юго-восточной Азии. Ранние R могли быть европеоидными. Ранние I – опять европеоиды, но могли быть смуглыми. В общем, гадать здесь почти бесполезно, это должно показать внимательное изучение геномов ископаемых ДНК.

[Екатерина](#) говорит:



[11.04.2016 в 01:49](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Вы часто акцентируете внимание на похоронном обряде ариев, как метке рода R1a (скорченное положение, мужчины на левом, женщины на правом боку). Изучая возможные пути миграции ариев с Русской равнины наткнулась на такую информацию по культурам древнего Ирана: Поселение Сиалк III занимает площадь около 3.5 га. Материалы из Исламабада, Чешме-Али и Муртезагирида в районе Рея показывают, что продолжает процветать и Тегеранский оазис. Появляется поселение в районе Дамгана – Тепе-Гисар, где древнейшие слои (Гисар IA) одновременны ранним наслоениям Сиалка III. Способ захоронения явно указывает на связь с предшествующей традицией: умершие погребены в скорченном положении, на правом или левом боку, и некоторое время (Сиалк III, 1-3) на черепаках еще встречаются следы красной краски. Комплекс Сиалк III, относящийся в основном к IV тыс. до н. э., характеризует по существу новую культуру, хотя и сложившуюся на основе традиций Сиалка I–II, но отличную от этих комплексов по многим параметрам ([ссылка](#)). Далее здесь же возникает культура серой лощеной керамики, которую индийские археологи связывают с арийскими миграциями, и тут же мы видим катакомбные обряды захоронения: “Специфической особенностью культуры Шахри-Сохте является традиция устройства погребений в могилах с боковым подбоем или катакомбой в сопровождении многочисленной керамики”. Датировки катакомбного обряда раньше, чем на Русской равнине. Анализ местных культур с 4 по начало 2 тысячелетия до н.э. не показывает резкой смены населения. Засуха конца 3-начало 2 тыс до н.э. кладёт конец развитым городским центрам Загроса”. Вопрос заключается в том, что возможно ли предполагать данные археологические культуры родиной сипа Z93, с последующим его распространением на Русскую равнину в начале 2 тыс до н.э., где мы его и находим. Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:29](#)

>> *Вы часто акцентируете внимание на похоронном обряде ариев, как метке рода R1a (скорченное положение, мужчины на левом, женщины на правом боку).*

У мужчин гаплогруппы R1a – наоборот, на правом боку. А их подружки – на левом. Данных пока мало, но получается такая картина, и она позволяет проследить род R1a от Европы через Кавказ до Красноярского края. У ариев гаплогруппы R1a-Z93, возможно, положение рук окажется другим – не вытянутые вдоль тела, а сложенные у лица. А эрбины с древнейших времен до сарматских уложены на спине, ноги прямые или

согнутые в коленях. И это от Урала до Карпат. Собственно, практически все сарматы уложены именно так. И такая стабильность в целом понятна – погребальные обряды в археологии представляют один из самых стабильных признаков. И как только мы понимаем, что это один и тот же род, то все становится на свои места.

Это не означает, что исключений не может быть. Но пока все исключения, что я видел, вполне объяснимы. Например, из 12 ямников все 12 имели гаплогруппу R1b, и все лежали на спине. И вот недавно вроде бы нашли у ямников мальчика с гаплогруппой R1a (хотя это пока не опубликовано), но он тоже лежит на спине, в позе R1b. К тому же датировка слишком древняя для ариев на Русской равнине. Получается, что этого мальчика принимали за своего, гаплогруппы R1b, и в самом деле, кто там у него гаплогруппу тестировал... И пришел он, скорее всего, с востока, с эрбинами, в доарийские времена. Поэтому надо не начетничать, типа, смотрите, у него R1a, всю систему нарушает... Надо, как учили мудрые люди, проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Часто пол костяка неизвестен, а костяки лежат и на правом боку, и на левом. А это, возможно, мужчины и женщины из одного коллектива. Находили и вертикальные положения. Это что, другой род? Или в этом был свой смысл? Как и в костяке, который лежал на спине, но с приставленной головой коня. Своей головы не было. Это вряд ли так шутили, скорее, опять был свой смысл.

Есть и другие осложнения – скелеты иногда заваливаются при раскопках, и вместо того, чтобы оставаться на спине, заваливаются на бок. Это тоже надо принимать во внимание. Далее, погребальные обряды редко, но меняются, и у R1a после тысячелетий положения на боку заменились кремированием, и к этому определенно должны были быть основательные причины. Возможно, религиозные, возможно, санитарные. А теперь хоронят на спине, по христианскому обычаю. Или кремируют.

Я бы пока предостерег рассматривать положение костяка как самый главный признак гаплогруппы-рода, и на этом основании выводить направления миграций. Надо набрать статистику по положению костяка и его гаплогруппе-субкладу. И по характеристикам культуры, потому что, строго говоря, культура классифицируется по материальным признакам, которые могут меняться при сохранении родовых. То есть род остается, а культуру ошибочно (или торопливо) переименовывают. В этом всем надо разбираться.

*Сергей* говорит:

[11.04.2016 в 02:32](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Еще вопрос от подписчиков, что нужно, чтобы опубликоваться в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, помимо материала, конечно, каков порядок и условия?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:33](#)

Нужно, чтобы была донесена идея статьи. Кому и зачем она нужна. Я понимаю, насколько важно многим увидеть свою статью в журнале, и такие желания поощряю. Я также понимаю, что большинству авторов не дотянуть до планки статьи профессиональной, но надо, во всяком случае, стараться. Те, кто хотят публиковать эзотерику, шаманство, соображения про инопланетян, могут не беспокоиться. А вот статьи про семейную ДНК-генеалогию приветствуются. Плагиат и пустые компиляции не принимаются. Но когда в работе видна мысль – это хорошо. Личные исследования – приветствуются. Примеры статей и стиль оформления – ясны из любого Вестника [на сайте Академии](#) или [здесь](#). Шрифт – Book Antique, 12. Вестник выходит в бумажном и электронном виде. В бумажном виде покупается в индивидуальном порядке в издательстве, заказ через сайт, оплата там же по карте. Я сам покупаю там же, все в трех экземплярах, чтобы по каждому месту жительства у меня была полная подборка Вестников, я с ними работаю ежедневно.

*Андрей Бердюгин* говорит:

[11.04.2016 в 02:56](#)

Здравствуйте! Помогите, пожалуйста, рассчитать время жизни общего предка однофамильцев. Я куратор группы однофамильцев, удалось собрать и протестировать 14 человек из разных регионов 6 лет назад. Написал небольшое исследование по фамилии в википедии, но вот время жизни предка рассчитал «примерно». Давно делал расчеты, и по моему, использовал метод из вашей публикации. Вычислил тогда значение 300-500 лет, но сомневаюсь, что правильно. Существует гипотеза о связи фамилии с князем Редедей, жившем в начале XI века, а это 1000 лет назад. Известно, что у семи человек полностью совпадает 17-маркерный гаплотип, а у четверых одинаковое отличие от этого гаплотипа в одно значение в маркере DYS 438. Вот ссылка на результат теста (фамилия Бердюгин):

Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 12 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 12 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)

Бердюгин 13 30 24 16 16 9 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
 Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 12 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
 Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
 Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 11 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
 Бердюгин 13 30 24 16 16 10 14 16 14 12 20 12 11 11 13 11 23 (R1a)  
 Бердюгин 14 30 23 15 15 12 18 20.2 14 10 21 11 10 12 12 11 22 (J1)  
 Бердюгин 13 32 24 16 17 14 15 17 15 10 20 10 12 11 13 13 22 (I2a (xI2a1))

Анатолий Алексеевич, уже давно слежу за вашей работой по исследованию ДНК и искренне вами восхищаюсь. На мой взгляд, вы самый вдумчивый и активный специалист по этому вопросу. Пожалуйста, не оставьте меня без внимания. Дайте хоть какой-то ответ, для меня это достаточно важный вопрос. Заранее благодарю.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.04.2016 в 07:39](#)

Несмотря на кажущуюся простоту набора из 11 гаплотипов гаплогруппы R1a, расчет времени жизни общего предка здесь имеет особенность. И это, конечно, не потому, что последние два гаплотипа, 12-й и 13-й, к данной серии не относятся, это действительно однофамильцы, и ничего большего. Так вот, расчеты времени жизни общего предка дают в целом корректные результаты при двух условиях – что гаплотипов много, и мутации в них неупорядоченные. Здесь с тем, что гаплотипов не так много, можно смириться, других все равно нет, просто погрешность будет относительно высокая, а вот второе условие явно не выполняется, причем – что характерно – в одном из самых «медленных» маркеров – DYS438. Там в семи гаплотипах аллель равна 11, и в четырех – 12. То есть имеем явный конфликт в системе – видно, что серия молодая, общий предок где-то недалеко, но вот даже четыре мутации такого медленного маркера, если они неупорядочены, в 11 гаплотипах просто невозможны для столь малого промежутка времени, для этого нужны тысячелетия. Если точнее, для этого нужно примерно 6500 лет (это легко рассчитать из значения константы скоростимутации для DYS438).

Но для опытного глаза задача довольно простая – здесь не одна серия из 11 гаплотипов, а две разных серии, из семи и четырех гаплотипов, и между ними – всего одна мутация DYS438. Тогда всё в порядке, никакого конфликта. Общий предок всех 11 человек жил примерно 400 лет назад, от него пошли две ветви потомков – одна ветвь унаследовала предковую аллель DYS438=11, и таких у нас в списке семь человек, в другой произошла мутация 11 → 12, и таких в нашем списке четверо. Среди семи произошла одна мутация в DYS385a, 10 → 9, а среди остальных четверых мутаций вообще нет в их 17-маркерных гаплотипах.

Одна мутация между этими двумя группами потомков разводит их на  $1/0.0365 = 27 \rightarrow 28$  условных поколений, или примерно 700 лет (0.0365 – константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов, стрелка – поправка на возвратные мутации). Обе группы совсем недавние, одна ведет свою линию от общего предка с DYS438=11, который жил всего 100 лет назад, а другая группа имеет общего предка с DYS438=12, который жил совсем недавно, и поскольку в этой группе мутаций в их гаплотипах вообще нет, то рассчитывать нечего. Иначе говоря, мы имеем две недавних группы, общий предок которых жил  $(700+100)/2 = 400$  лет назад. Вот это расхождение и дает разницу в 700 лет между этими двумя группами.

Надо понимать, что эти численные величины имеют погрешность, близкую к 100%, потому что и гаплотипов мало, и они короткие, и времена до общих предков минимальные. Поэтому это можно принять как первое приближение, и когда в группе наберется, скажем, сотня человек, да с протяженными гаплотипами, то расчеты будут точнее.

Более того, для людей непритязательных и расчет «в лоб», без премудростей, тоже вполне приемлемый. Смотрим – для 11 гаплотипов получается на круг 5 мутаций, и имеем  $5/11/0.0365 = 12$  условных поколений, то есть  $12 \times 25 = 300 \pm 145$  лет до общего предка, то есть та же величина, что получена выше, в пределах погрешности расчетов. Просто она рассчитана в приближении неупорядоченности мутаций, что на самом деле не так, как мы убедились. Но мы видим и другое – если не заморачиваться нереальными уточнениями, а исходить из «концептуальности», то ответ и там получается вполне приемлемый. Опять важно то, какой вопрос задается, и насколько задающий вопрос понимает, что точного ответа все равно не будет. Ясно, что речь идет о текущем тысячелетии, а не о временах до нашей эры, и тем более не о доисторических временах.

*И. Рожанский* говорит:

[11.04.2016 в 09:40](#)

Я бы еще обратил внимание на участника Вашего проекта из очень редкой у русских гаплогруппы J1. По опыту общения на генеалогических ресурсах знаю, что принадлежность к “нетитульной” гаплогруппе нередко приводит к тому, что у человека развивается своего рода комплекс “гапло-неполноценности”, и он начинает вести себя неадекватно. В реальности, ничего постыдного и бросающего тень на моральный облик кого-то из предков в этом нет. Минорные линии, в том числе из экзотических гаплогрупп, присутствуют у всех более-менее значительных по численности народов. Более того, их анализ, подобно анализу микропримесей у геологов или криминалистов, позволяет



выявить детали истории того или иного народа, которые, образно говоря, “засвечены” при анализе основных генеалогических линий.

Гаплотип участника Вашего проекта всего на 2 мутации на 17 маркерах расходится с гаплотипом участника проекта J1 (кит № 252043) – русского, указавшего свои корни в Кунгурском уезде в XVIII веке. Он принадлежит к ветви J1-BY70, довольно специфической для народов Кавказа. Для этой старой (около 5000 лет до предка) линии дистанция в 2 мутации – хорошее указание на родство. Если родословная Вашего однофамильца как-то связана с Уралом, то не исключено, что при более глубоком исследовании можно будет установить и документальное родство. Если же в этой группе со временем соберется больше участников (не обязательно однофамильцев), то можно будет по их гаплотипам проверить предание о кавказском богатыре Редее как предке этой экзотической для славян линии.

Существует стойкий стереотип, что гаплогруппа J1 есть только у евреев с арабами, но это не так. Один из примеров приведен выше, причем давние корни J1 на Кавказе теперь находят подтверждение и в ископаемой ДНК. Обнаружена эта гаплогруппа и в останках с Северного Кавказа, предположительно принадлежавших аланам.

*Виктор Косинцев* говорит:

[12.04.2016 в 19:15](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Из статьи Ковтуна Игоря Вячеславовича «Сейминско-турбинские древности и индоарии» я с удивлением узнал, что ряд историков, включая и Ковтуна И.В., считают, что Синташтинская «Страна городов» была построена не протоиндусами, а протоиранцами. А протоиндусами считают либо абашевскую археологическую культуру, либо носителей сейминско-турбинского транскультурного феномена. При этом их не смущает, что как раз именно у абашевских племен был чрезвычайно развит культ огня и солнца (аналог зороастризма). Из этого следует вывод, что до сих пор отсутствует локализация времени и места разделения ариев на две антогонистические группировки. Ясно одно, причиной явился религиозный раскол, отягощённый, по-видимому, кровопролитными столкновениями и территориальным размежеванием. Исторические аналогии показывают, что именно при таких сценариях вчерашние боги превращаются в бесов, что явно видно на примерах Ригведы и Авесты. Но где и когда происходило разделение ариев на протоиранцев и протоиндусов? Может ли ДНК-генеалогия внести ясность в этот вопрос?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.04.2016 в 00:47](#)

>> ...ряд историков... считают, что Синташтинская «Страна городов» была построена не протоиндусами, а протоиранцами.

Мне бы их проблемы... Интересно, считают ли они, что англичане, отплывшие в 1620-м году на судне «Мэйфлауэр» в Америку, были «протоамериканцами»? Да пусть они тех, в Синташте, хоть горшками называют, но вывод-то какой? Наконец, в Вашей цитате это перпендикулярные понятия. «Иранцы» это обычно лингвистический термин, а индусы – нет. Поэтому все эти «тупоконечники» и «остроконечники» гроша ломаного не стоят. В отношении абашевской культуры – все данные и интерпретации крайне противоречивы. Я не удивлюсь, если там были и R1a, и R1b, и сама культура смешанная.

>> Но где и когда происходило разделение ариев на протоиранцев и протоиндусов? Может ли ДНК-генеалогия внести ясность в этот вопрос?

Вы делаете типичную ошибку – применяя термины, не даете им определения. Попробую сделать это за Вас. Если «протоиранцы» – это арии Русской равнины, которые в итоге прибыли на Иранское плато (примерно 3500 лет назад), а «протоиндусы» – это арии Русской равнины, которые в итоге прибыли в Индию (примерно 3500 лет назад), то они разошлись на Русской же равнине примерно 4500 лет назад. Именно это показывает ДНК-генеалогия. Но последующая их история была разной – те, которые пришли на Иранское плато, примерно 500 лет до того жили в горах Средней Азии (читайте Авесту), а те, которые пришли в Индию, жили и в Стране Городов на Урале, и в БМАК.

Светлана говорит:

[12.04.2016 в 20:02](#)

Анатолий Алексеевич! Очень интересно Ваше мнение о распространении индоевропейского языка в Европе. Сейчас активно популяризируется гипотеза Энтони о распространении из ямной культуры. Но в ней не содержится лингвистический компонент (есть ли такой анализ и исследования у лингвистов?) и с гаплогруппами какая-то путаница.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.04.2016 в 11:19](#)

Уважаемая Светлана, «гипотеза Энтони» была ошибочна и 20 лет назад, она неверна и сейчас. Она даже не просто ошибочна, она фантастически ошибочна, как фантастически ошибочна и «теория» М. Гимбутас полувековой давности, из которой Энтони просто списал то, что ИЕ якобы распространились из ямной культуры, записав себя (Энтони) в

ученики М. Гимбутас. В «теории» Гимбутас, которую списал Энтони, перепутано всё на свете – и направления миграций, и времена, и – как сейчас выяснилось – гаплогруппы, хотя о последних ни Гимбутас, ни Энтони не имели понятия. Если для Гимбутас это простительно, она давно нас покинула, то для Энтони – это показатель нежелания осваивать новые реалии, и в итоге показатель безграмотности.

Я уже писал, что директор Института археологии (США) охарактеризовала недавнюю статью в Nature, в авторах которой, среди 66 человек, включая Энтони, как «псевдонаучную». Эта статья в Nature по сути ставит крест на популяционно-генетических геномных исследованиях, потому что показывает, что они всё делали «правильно», в полном соответствии со своей методологией «геномных исследований», но методология принципиально неверная. Она вся основана на «похожести», базируясь на крайне примитивном подходе РСА, или «методе принципиальных компонент». По этому методу, R1a и R1b «похожи», потому что обе гаплогруппы вышли из гаплогруппы R1. А раз «похожи», то это, в соответствии с их методологией, одно и то же. И так – по всему «геномному анализу». И это – 66 авторов статьи! Цвет популяционной генетики... Полное отсутствие адекватного мышления. Полное нежелание рассматривать гаплогруппы и гаплотипы, которые всё расставили бы по местам. Это – яркий показатель современной деградации популяционной генетики, уже в геномном исполнении. Люди-то остались теми же. Посмотрите на Балановских...

Никаких «лингвистических компонент» там нет и близко. Лингвистика там бессильна. Лингвистика ничего не знает о языках носителей R1b в Европе между 5000 и 2500 лет назад. Всё, что лингвистика знает, и это данные десятилетия назад, это что ИЕ языки в Европе стали расходиться на ветви примерно 6000-5000 лет назад. Что было до того – лингвистика не имеет понятия, за исключением нескольких взаимно противоречащих соображений о «прародине» ИЕ языков. То есть «мелким бесом» – что-то пытаются найти. Но людей типа С.А. Старостина давно нет. Есть мелочевка типа А. Дыбо (и та что-то пытается узнать о тюркских языках при незнании ни одного) или Касьяна, который вообще ходячий анекдот. Полное убожество.

*Светлана* говорит:

[13.04.2016 в 13:26](#)

Спасибо за ответ и возможность обратиться лично к Вам с вопросом, Анатолий Алексеевич! Это очень странно даже дилетанту просто со здравым смыслом читать выводы о распространении языка только по останкам, без единого факта собственно о самом языке и игнорированием других фактов, уже существующих. А публикуется в популярных журналах (напр., National Geographic и др.). Критическое

мышление отсутствует как явление – сами себе не задают элементарные вопросы.

*И. Рожанский* говорит:

[13.04.2016 в 13:39](#)

>> Полное нежелание рассматривать гаплогруппы и гаплотипы, которые всё расставили бы по местам.

Чтобы иметь об этом представление, читателям Переформата не надо даже рыться в литературе и базах данных. Сводку по схемам ветвления гаплогрупп R1a и R1b и распределению их принципиальных ветвей можно получить [в разделе “Гаплокарты”](#) на сайте Академии ДНК-генеалогии. Из них видно, что наиболее рано отошедшие, реликтовые (при всей условности этого термина) ветви R1a найдены в Европе, а R1b – в Азии. Если бы они были рассеяны во всем ареале гаплогрупп, то никаких подсказок о путях миграций это бы не дало, но выраженная географическая локализация – это достаточно веское указание, откуда и куда двигались носители R1a и R1b в течение последних тысячелетий.

В частности, при сопоставлении ископаемой ДНК ямной культуры (R1b-Z2103 + предковые к ней ветви) с филогенией современных носителей R1b-Z2103 достаточно надежно реконструируется их путь из прикаспийских степей в Закавказье и Анатолию, а отнюдь не в Центральную Европу. Схема Гимбутас-Энтони о путях распространения ИЕ языков в Европе вступает в прямое противоречие с путями расселения людей, которые должны были, согласно схеме, принести эти языки. О нестыковках и грубых подгонках археологического материала много писали еще при жизни автора Курганной гипотезы, и с тех пор ничего принципиально не изменилось.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.04.2016 в 18:06](#)

Уважаемая Светлана, «дилетанту со здравым смыслом» в науке делать нечего, там работают другие принципы. Вы бы послали дилетанта со здравым смыслом на боксерский ринг профессионалов? Думаете, здравый смысл ему бы там помог? В науке у такого представителя есть две большие проблемы – первая, что он дилетант, и вторая, что у него здравый смысл. То есть он рассуждает «по понятиям» на уровне своих «знаний», которых особенно нет, так как он дилетант. Видите проблему? Именно потому авторы той самой статьи в Nature, которая названа профессиональным археологом псевдонаучной, допустили принципиальные ошибки. Их – целая гроздь. Если сделать шаг назад, для лучшего обзора ситуации, и посмотреть на их «творения» с

точки зрения аналитика научных исследований, то ясно видны составляющие такого исследования. К сожалению, перед нами показательный образец трагедии современной «науки», «науки» механической, машинной, фактически бездумной, при отсутствии научной школы во главе с ярким лидером, но когда есть лидер бюрократический, роль которого состоит в рекрутировании десятков человек, которых назначают соавторами статьи, и каждый автоматически получает публикацию в Nature, в данном случае. Большого попраания принципов науки трудно себе придумать. Но это современные реалии в поппгенетических геномных исследованиях.

Поясню. Все, на чем делали ставку организаторы исследования – это получение исходных геномных данных из ископаемых костных останков. К этому вопросов нет, во всяком случае, если доверять технической работе тех, кто извлек скелетные останки, экстрагировал ДНК, «разрезал» ее на миллионы фрагментов разного размера и ввел эти данные в компьютер. У нас нет оснований не доверять этой части работы, но это еще по сути лаборантская работа. Здесь нет лингвистики или интерпретаций в виде направлений древних миграций и выводов, какая археологическая культура произошла от какой. Есть набор стандартных операций, которые в настоящее время являются рутинными. Науки пока здесь нет, в том смысле, который вкладывается в понятие «наука». Далее – сугубо машинная часть исследования. Согласно набору заданных программ, компьютер сортирует фрагменты, или сегменты ДНК, и выдает огромное количество цифр, которые сортируют опять же машинно. В итоге – опять же машинно, сортируют данные в виде «похожести», выбирая разные «компоненты», назначая среди них «принципиальные» и строя графики «методом принципиальных компонент». Метод чудовищно архаичен, практикуется по меньшей мере с 1960-х годов, но в нем – ментальность поппгенетиков, от которой им не уйти. Просто раньше сравнивали похожесть положения полос на электрофореграммах белков, а сейчас – картины сортировки миллионов сегментов ДНК по «компонентам». Сейчас это тоже машинная работа, ее делают по сути компьютеры. Мы видим, что и здесь науки пока нет, есть набор рутинных операций. Дальше – я несколько упрощаю – получаемые «принципиальные компоненты» показывают, что ДНК из ямной культуры и современного населения Европы «похожи». Более того, что ДНК из ямной культуры и из культуры шнуровой керамики (КШК) «похожи». Из этого делается – уже авторами статьи – вывод, что это показывает, что те, из ямной культуры, или их потомки, напрямую перешли в Европу и в культуру шнуровой керамики. А раз перешли, то и принесли с собой индоевропейские языки. Из ямной культуры – в Европу и в КШК.

Вот на этом этапе, этапе «интерпретации», разворачивается та самая трагедия современной науки, в которой педалируется то самое



дилетантство и подход «по понятиям», которое авторы принимают за «здоровый смысл». В итоге на этом этапе разворачивается клубок недоразумений, который привел к тому, что директор международного института археологии назвала «псевдонаукой». «Похожесть» не может быть критерием, потому что под ней находятся более глубинные уровни критериев, которые могут налагать запреты на выводы типа «напрямую перешли». Я похож на своего дядю, родного брата отца, но это не значит, что я от дяди произошел. Я похож на родного брата, но это не значит, что я от брата произошел. Одно проявление дилетантизма авторов статьи – в том, что они исключают из рассмотрения гаплогруппы-субклады и гаплотипы. Они просто скользят по верхам «похожести». А «похожесть» потому, что и R1b, что в захоронениях ямной культуры, и R1a, что в захоронениях культуры шнуровой керамики, произошли от одного «отца», R1. Это – аналог родного брата. Понятно, что «похожи». Далее, то, что ямники «похожи» на европейцев, вовсе не значит «перешли напрямую», они могли перейти по большому кругу по другим континентам, и такой переход мог занять тысячелетия. Так на самом деле и было. А дилетантизм авторов и подход «по понятиям» привел их к тому, что переход между точками А и Б они автоматически принимают за прямой, кратчайший. В жизни часто бывает не так. Далее, авторы считают, что у ямной культуры язык был индоевропейский, а это не так. Это уже наверняка Энтони настоял, чем подложил авторам статьи большую свинью. Это наложилось на другие принципиальные ошибки статьи, и в итоге был сделан еще один неверный вывод, что индоевропейские языки были якобы принесены в Европу ямниками (или их потомками) еще в те времена. Еще принципиальная ошибка – авторы статьи не выявили и/или не приняли во внимание, что субклады гаплогруппы R1b у ямников, преобладающие Z2103/Z2105, в Европу не принесены, их там практически нет, а значит, опять, никакого «прямого перехода» ямников в Европу не было.

Самая большая проблема статьи в том, что она показывает, что сами геномные данные ровным счетом ничего не значат, важно то, кто их рассматривает. Помните – «неважно, как голосуют, важно, кто считает». Вождь как в воду глядел. Важно и то, что данная статья, как и многие другие по геномным исследованиям в популяционной генетике, продолжает дискредитировать сам подход. Я уже разобрал на этом ресурсе целый ряд «геномных статей» популяционистов. Они, как правило, невразумительны, и либо не отвечают на поставленные вопросы, либо дают неверные ответы. Причина – всё та же, скольжение по верхам «похожести». Вспомним статьи по «геному Индии» того же ведущего автора, Давида Рейха (David Reich), он же ведущий автор статьи в Nature, которую мы сейчас обсуждаем. Там тоже – полная бессвязность, уклончивость при попытках ответов на вопросы, отсутствие самих ответов. И понятно почему – геномные данные сами по себе ответа не дают, они предоставляют огромное поле возможных ответов, и если не

подключать к геномному анализу гаплогруппы, субклады и гаплотипы – ответа, скорее всего, не будет. Будет беспомощное плавание по верхам, что мы и наблюдаем.

К этому – забавное дополнение. Эта статья в Nature обсуждалась Балановской и ее ментальными приятелями на своем сайте, и возник вопрос, от кого получены некоторые результаты. Ответ был – от Давида Рейха. На это Балановская в аффекте воскликнула – «Спасибо! Райх – это бренд! Даже если не опубликовано – доверие полное». Комментарии нужны?

Последнее – Вы написали: *«Это очень странно – читать выводы о распространении языка только по останкам, без единого факта собственно о самом языке и игнорированием других фактов, уже существующих»*. Да, в таком варианте – это более чем странно, особенно с игнорированием того, что уже известно. В этом – особенная проблема в данной статье в Nature. Можно, конечно, возражать, что консенсуса в отношении перехода ИЕ языков в Европу среди лингвистов нет, есть много мнений, ситуация спорная, но тогда тем более нельзя с помощью якобы «геномных данных» становиться на одну сторону, тем более что, как мы видим, эти данные неверны. Просто Энтони через поггенетиков продал свой (ошибочный) подход.

Но в общем случае ситуация более деликатная. Бывает, что да – есть только останки, проходящие пунктиром по длинному шлейфу древних миграций, и у них одна и та же гаплогруппа, но нет «ни единого факта собственно о самом языке», и нет «других фактов, уже существующих». Что делать в такой ситуации? Можно ли предполагать, что по пути этой миграции носители этой гаплогруппы переносили свой язык? На мой взгляд, предполагать, безусловно, можно, это ничему не противоречит. Но это позволяет сформулировать гипотезу для последующего обсуждения, особенно если этим подготавливается решение старой загадки, которую пока никто решить не может. Именно эта ситуация реализуется с гаплогруппой R1b, которая шла длинной миграцией эрбинов из (предположительно) Сибири через Северный Казахстан, Тургайский прогиб, ботайскую культуру, хвалынскую, ямную, средневожскую культуры и далее. Этот язык лингвистике пока неизвестен, возможно, это вариант дене-кавказских языков, но ясно, что это не индоевропейские языки. Я назвал этот язык эрбином, до выяснения лингвистами, что это был за язык. Но важно то, что на этом пути лежит и ямная культура, и, значит, в ней тоже был не ИЕ язык, а тот самый эрбин. И в хвалынской культуре, и в ботайской – не было там ИЕ языков. Так что нет никаких оснований приписывать ямной культуре ИЕ язык, вся преистория миграций R1b против этого.

Но люди, которые не могут думать, кроме как возражать по любому поводу, поднимают крик – «он языки гаплогруппам приписывает»,

«языки по другим законам развиваются». Заметьте – я про конкретную гаплогруппу (R1b в данном случае), конкретный миграционный путь и конкретный язык (эрбин) в его динамике на протяжении многих тысячелетий. «Они» – «по понятиям», общими словами, никакой конкретности в данном конкретном случае. Ну так предложите, какой язык был у эрбинов, по каким «законам» он развивался, когда он у эрбинов изменился, на каком этапе миграции. Какие к этому есть конкретные данные? Не могут. А повозражать хочется.

Другой пример, уже по миграциям ариев. Только вчера я получил очередное письмо-возражение, цитирую – *«Арии – это только часть индоевропейцев, соответственно, арийские миграции – часть индоевропейских»*, *«арии – часть носителей гаплогруппы R1a»*. Подкрепил автор письма свое возражение хоть какими конкретными данными? Привел хоть какие примеры? Нет, ему просто хочется повозражать. Какие еще миграции были «индоевропейскими», но не ариями, не носителями гаплогруппы R1a? Напоминаю, я – о временах 5500-3000 лет назад. В отношении второго «замечания» – критик ломится в открытые ворота, я тоже пишу, что арии были частью гаплогруппы R1a, а именно начиная с субклада R1a-Z645, примерно 5500 лет назад, и до примерно 2500 лет назад. Эти определения работают и в отношении ДНК-генеалогии, и в отношении лингвистики. Кто не согласен – дайте конкретные примеры, противоречащие данным определениям. А если согласны – то здесь пример согласования языка и гаплогруппы. А уже в более поздние времена, как и в наше время – естественно, индоевропейские языки пошли уже по разным гаплогруппам. Принцип согласования гаплогрупп и языков давно изменился, в соответствии с ходом истории.

*Светлана* говорит:

[14.04.2016 в 01:42](#)

Анатолий Алексеевич, спасибо за развернутый ответ. Да, конечно, дилетанту в науке делать нечего. Я имела в виду под дилетантом читателя популярного журнала, которому очевидны эти “прорехи” в рассуждениях Энтони. И похожесть, конечно, не является существенным признаком. Масса вещей похожих, но не имеющих ничего общего между собой. Кстати, от построения классификаций животных и растений на основе похожести давно ушли именно благодаря генетике. И есть в этом какой-то парадокс, что попугенетики опираются на похожесть, а не на то, что кодирует существенную информацию об объекте.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[14.04.2016 в 16:24](#)

Уважаемая Светлана, если Вы такой «дилетант», то я Вас поздравляю. Не думаю, что много дилетантов, читая в популярном журнале пересказ последней статьи попугенетиков в Nature, распознают там «прорехи». Во всяком случае, большинство профессиональных людей науки, которые получают зарплату из соответствующих фондов, эти «прорехи» не замечают, или не хотят замечать. Я уже написал [в статье по миграциям ариев](#), как известный финский лингвист использовал выводы Энтони с попугенетиками в качестве аргумента в дискуссии со мной, что, мол, такие уважаемые люди ошибаться не могут. Печально известная Балановская пошла еще дальше, что мол, «Рейх – это бренд!», это про ведущего автора статьи, которую не без основания назвали «псевдонаукой», причем назвал профессиональный археолог. К этому можно добавить то, что статью этого археолога (директора института археологии Л. Николовой) на сайте Балановской обсуждали около 30 человек, и никто (!) из них этих «прорех» не заметил. Напротив, эти «профессионалы» статью Рейха и Энтони (плюс 64 соавтора) ревностно защищали. И понятно, почему. Сформировался клан попугенетиков, которые понимают, что если они согласятся с критикой, то это тот самый коготок, который у птички увяз. Поэтому эти попугенетики и их ментальные собратья любой ценой защищают любой мусор, если он выходит от попугенетиков их приятелей-историков. Это уже переросло в идеологию, а от науки ушло, и уже давно. Собственно, это и есть главная причина их нападков на ДНК-генеалогию, никакой науки в их нападках нет, исключительно идеология.

*>> И похожесть, конечно, не является существенным признаком. Масса вещей похожих, но не имеющих ничего общего между собой.*

Конечно. Но это уже вмонтировано в ментальность попугенетиков. Уйдет только вместе с ними. Мой коллега, кстати, известный генетик, работающий в Англии, автор ряда широко цитируемых статей в ведущих журналах мира, в ужасе от «метода принципиальных компонент», основного в попугенетике. Называет его безнадежно архаичным, порождающим массу ошибок, и по сути ненаучным. Но это – основной метод попугенетиков, который перешел и в геномную попугенетику. В этом – тоже трагедия их науки.

*Екатерина* говорит:

[14.04.2016 в 02:08](#)

Анатолий Алексеевич, несколько раз слышала, что ранние “катакомбники” – R1b. Есть палео-Днк или просто предположение? Проясните, пожалуйста.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[15.04.2016 в 14:45](#)

Интересно, где Вы это слышали. Источник можете привести? Но в любом случае, Вы уже являетесь источником, первичным или нет. Да, вероятность этого есть, причем вероятность хорошая. Это обсуждается в доступных деталях в продолжении статьи про миграции ариев, помещенной в параллельной теме на «Переформате». Ископаемых ДНК там пока нет.

*Екатерина* говорит:

[16.04.2016 в 00:07](#)

От Вас и слышала, Анатолий Алексеевич, уже не вспомню из каких статей на Переформате. Просто не было возможности спросить ранее. Теперь есть, благодаря прямой линии. Так что я не источник, а пересказчик получаюсь. Это потому, что первые катакомбники обнаружены на Кавказе, по соседству с майкопцами? Надеюсь, я в верном направлении мыслю? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.04.2016 в 03:36](#)

>> *От Вас и слышала...*

Тогда понятно, а то я удивился, кто же еще про это же писал...  
>> *Это потому, что первые катакомбники обнаружены на Кавказе, по соседству с майкопцами? Надеюсь, я в верном направлении мыслю?*

Нет, не потому. Мало ли что там по соседству находится... А потому, что катакомбники (как, впрочем, и майкопцы) – неоднородные культуры, у них «корни в разные стороны расходятся», по выражению археологов. Причем по совокупности данных – времена, направления, положения костяков – там есть свидетельства в пользу как R1a, так и R1b, а у майкопцев, возможно, и J2a. Но R1a – самая поздняя, примерно 4200-4000 лет назад.

*Вадим* говорит:

[16.04.2016 в 13:45](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич! Хотелось бы разобраться с понятием “Y-хромосомный Адам” и соотношением Альфа и Бета гаплогрупп. В одном из своих ответов Вы писали, что “«Общий предок всех людей» – понятие скорее концептуальное, чем буквальное”. Так вот, насколько оно концептуальное по отношению к Альфа и Бета

гаплогруппам? Возможно ли вычислить какой-то модальный гаплотип “Y-хромосомного Адама”, от которого они обе разошлись? Или это понятие введено исключительно как заслон против т.н. “полигенизма”, учитывая вырисовывающуюся в обратном случае картину изначальной генетической двойственности современного человечества?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.04.2016 в 03:38](#)

>> Хотелось бы разобраться с понятием “Y-хромосомный Адам”...

Там разбираться нечего – названия «хромосомный Адам» в науке быть не должно. Это – выход за пределы науки на потребу публики. Это понятие было введено (попгенетиками, естественно) тогда, когда даже в академической литературе всё объясняли на пальцах, и из них же высасывали. Это были времена, когда гаплогруппу R1a называли «украинской», не давая абсолютно никаких обоснований, когда писали, что носители R1b жили в Европе 30 тысяч лет назад, опять без малейших оснований, и тогда же ввели названия «Адам» и «Ева» в попгенетику. Помню, как в 2007 году послушал я выступление Балановской по радио, и она ввернула эти слова «Адам» и «Ева», говоря про ДНК. Ее спросили, что она имеет в виду, что жили в древние времена Адам и Ева, как в Библии написано? Она ответила, что да, в общем, так и было. Еще тогда я понял, что мне с этими попгенетиками не по пути.

>> Возможно ли вычислить какой-то модальный гаплотип “Y-хромосомного Адама”, от которого они обе (альфа- и бета-гаплогруппа) разошлись?

Опять, не было никакого «хромосомного Адама», тем более от которого они бы разошлись. Разошлись они примерно 160 тысяч лет назад, и этому событию можно приписать определенную гаплогруппу, наверное, A1 или A1b, после уточнения их датировок. Пусть здесь не путает индекс A, он к Африке не относится. Могли бы и W назвать. С гаплотипом труднее, таких пока не обнаружено, разве что найдется ископаемый, но думаю, что не в Африке.

[Вадим](#) говорит:

[17.04.2016 в 13:52](#)

Спасибо. Если можно, поясните еще кое-что начинающему любителю. Механизм образования субкладов в современных гаплогруппах более-менее понятен. А какими должны были быть количество и скорость мутаций, чтобы из древних гаплогрупп появились современные? Например, I и J из IJ, Q и R из R и т.п.? Могли бы Вы этот механизм



пояснить на конкретных примерах или подсказать соответствующую литературу?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[18.04.2016 в 19:53](#)

>> *Механизм образования субкладов в современных гаплогруппах более-менее понятен. А какими должны были быть количество и скорость мутаций, чтобы из древних гаплогрупп появились современные? Например, I и J из IJ, Q и R из R и т.п.?*

Если я вопрос понял, то механизм такой же, и скорости мутаций такие же. Просто мутаций между основными гаплогруппами больше по количеству. Если взять образование гаплогрупп I и J из сводной гаплогруппы IJ, то по опубликованным данным при образовании I добавилось 191 снип-мутаций, а при образовании J добавилось 143 снип-мутаций. То есть мы видим определенную несимметричность. Но если взять десятки носителей гаплогрупп I и J, и определить, сколько снип-мутаций их отделяют от настоящего времени, то получится немалый разброс (у I от 272 до 316, в среднем 295 мутаций, у J от 262 до 324, в среднем 298 мутаций). Как видим, в среднем общие предки гаплогрупп I и J жили соответственно 295 и 298 снип-мутаций назад, а поскольку одна снип-мутация при данном размере фрагмента Y-хромосомы в 8.47 миллионов нуклеотидов (при общем размере Y-хромосомы 58 миллионов нуклеотидов, точнее, нуклеотидных пар) происходит в среднем раз в 144 года, то общие предки этих гаплогрупп жили примерно 43 тысячи лет назад (формально получается  $295 \times 144 = 42480$  и  $298 \times 144 = 42912$  лет назад, но так писать несерьезно при отмеченных погрешностях).

Аналогично, если взять образование гаплогрупп Q и R из гаплогруппы R, то при образовании Q добавилось 10 снип-мутаций, а при образовании R добавилось 53 снип-мутаций. Но если взять десятки носителей гаплогрупп Q и R, и определить, сколько снип-мутаций их отделяют от настоящего времени, то получится, что у Q в среднем 220 мутаций, у R в среднем 221 мутаций, что дает примерно 32 тысячи лет назад.

Примерно такие же величины получил коллектив YFull, которые так и считали (но дополнительно вводили некоторые поправки) – 42400 лет для гаплогрупп I и J, и 31300 лет для Q и R.

*Вадим* говорит:

[18.04.2016 в 20:33](#)

Да, именно это я и хотел узнать, спасибо.

*И. Рожанский* говорит:

[18.04.2016 в 19:59](#)

>> *А какими должны были быть количество и скорость мутаций, чтобы из древних гаплогрупп появились современные?*

Любые, потому что то, что Вы называете механизмом образования субкладов – это примерно то же самое, что механизм образования игрушек на новогодней елке. Буквенные обозначения – это всего лишь метки, которые исследователи прикрепили к тому или иному месту раскидистого генеалогического древа людей. Какого-то единого правила, какую ветвь именовать гаплогруппой, а какую субкладом, нет. К примеру, ветви, разошедшиеся от предка гаплогруппы К, получили, по большей части, “ранг” гаплогрупп, а ветви не менее древних гаплогрупп С и Е так и остались субкладами. В принципе, это все вопрос соглашения, и не надо воспринимать аббревиатуры чересчур буквально. Не говорю уж о том, что номенклатура постоянно уточняется и модифицируется по мере сбора информации о новых снипах. Куда важнее иметь представление о датировках узлов, как бы их не называли.

*Владимир* говорит:

[19.04.2016 в 00:50](#)

Здравствуйте Анатолий Алексеевич! Мне интересно происхождение гаплогруппы С, как предка всех неафриканских гаплогрупп. Распространена эта группа главным образом в восточной Азии у монголов, эвенков, японцев, в Австралии и Океании, в Северной Америке, немного в Индии. Но часто приходится читать о ее Африканском происхождении. Насколько мне известно, представителей этой гаплогруппы не выявлено ни в Азии, ни в Аравии. В своих выступлениях вы утверждали, что гаплогруппа С не могла произойти от африканских гаплогрупп А и В. Тогда какое же существует основание утверждать о ее африканском происхождении? Насколько мне известно, старейшие субклады этой гаплогруппы находятся в Индии. Не логичнее ли предположить о ее индийском происхождении?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[19.04.2016 в 05:28](#)

>> *Мне интересно происхождение гаплогруппы С, как предка всех неафриканских гаплогрупп... Но часто приходится читать о ее Африканском*

происхождении. ...какое же существует основание утверждать о ее африканском происхождении?

Я не знаю, кто утверждает об африканском происхождении гаплогруппы С, и на каком основании. Короткий ответ – это должны быть люди, которые просто не имеют понятия о гаплогруппах и их взаимоотношениях. Да и вообще – мало ли кто что пишет, тем более это пишут наверняка в сети. Оснований для таких утверждений нет никаких. Ранг этих «утверждают» такой же, какой у «а вот говорят...». Вы сразу верите?

Время образования гаплогруппы С датируется примерно 64 тысяч лет назад (по мутациям в гаплотипах) и 65400 лет назад (с погрешностью между 68600 и 62200 лет назад) по снипам. Самая древняя ископаемая ДНК, имеющая снип-мутации гаплогруппы С, найдена в Костенках, около Воронежа, с археологической датировкой 38700-36300 лет назад, и возрастом древнейшего слоя стоянок 42-40 тысяч лет назад. И это были не просто некие снип-мутации гаплогруппы С, а древнейшие снип-мутации, P255 и V183 (см. диаграмму снипов).

**C M130, P255, V183**  
• C1 Z1426  
•• C1a CTS11043  
••• C1a1 M8  
••• C1a2 V20  
•••• C1a2a V182  
••••• C1a2a1 V222  
•• C1b F1370  
••• C1b1 K281  
••• C1b2 Z31885  
•••• C1b2a M38  
•••• C1b2b M347  
• C2 M217  
•• C2a M93  
•• C2b L1373  
••• C2b1 F1699  
•••• C2b1b M48  
••••• C2b1c F1918  
••••• C2b1c1 M401  
•• C2c P53.1

Сокращенная диаграмма субкладов гаплогруппы С по данным Международного общества генетической генеалогии (ISOGG). Желтым цветом отмечены те, которые найдены в древних ископаемых костных остатках. Затемненные

*снипы комментируются ниже в тексте. Аквамариновым цветом отмечен сноп австралийских аборигенов.*

Вторая по древности гаплогруппа С была найдена при раскопках в Турции, с субкладом С1а2-V20 и датировкой 8400-8200 лет назад, далее были найдены ископаемые ДНК с тем же субкладом на северо-западе Испании с археологической датировкой 7000 лет назад, и в Венгрии в двух ископаемых ДНК, с датировками 7125±175 и 7100±100 лет назад. Чтобы понять, что эти субклады показывают, взглянем на (сокращенный) список субкладов гаплогруппы С, показанный выше и построенный в виде иерархии снопов. Каждый нисходящий сноп включает вышестоящий. Это и дает генеалогию субкладов, показывает последовательную цепочку их происхождения. Мы видим, что у древнего человека, кости которого были найдены на западном берегу Дона, был самый ранний субклад гаплогруппы С, со снипами Р255, М183 (отмечены желтым цветом на диаграмме). Надо пояснить, что эти два снипа относятся к одному субкладу. Какой-то из был определенно более ранний, но у всех носителей гаплогруппы С, которые были тестированы, обнаруживались оба эти снипа. Поэтому они даются под запятой у одного и того же субклада. А вот сноп V20 уже более поздний, для его образования понадобилась мутация (Z1426), которая превратила С в С1, и еще мутация, которая образовала С1а, и только из С1а образовались «параллельные» С1а1-М8 и С1а2-V20 (они тоже отмечены желтым цветом). Носители последнего и были найдены в Турции, Испании и Венгрии.

Из этого рассмотрения можно сделать предварительное заключение, или, скорее, предположение, что современные Костенки могут находиться относительно близко к региону появления первых гаплогрупп неафриканцев после предполагаемой глобальной катастрофы 60-70 тысяч лет назад. Гаплогруппы В и С появились почти сразу (в историческом масштабе времени) после прохождения бутылочного горлышка популяции, примерно 60-65 тысяч лет назад. И именно ранний субклад гаплогруппы С оказался у «костенковца». Возможно, из тех мест, где сейчас протекает Дон, потомки выживших после катастрофы людей начали разносить гаплогруппы в своих ДНК по разным направлениям. Десятки тысячелетий позже их потомки жили на Пиренейском полуострове, в Центральной Европе, в Анатолии, а сейчас живут по всему миру.

*>> Насколько мне известно, представителей этой гаплогруппы не выявлено ни в Азии, ни в Аравии.*

Про Аравию не припомню, а в Азии носителей гаплогруппы С масса. Если рассмотреть только субклад С2, там два уровня занимают казахские и родственные гаплотипы, далее среднеазиатские и монгольские гаплотипы, которые обычно имеют субклад С2-М217. Диаграмма

субкладов выше дана в сокращении, там в целом более ста уровней, их занимают американские индейцы, Индия, Китай, Япония, Корея, Филиппины, все они расходятся по разным подуровням. В субкладе С1 находятся Новая Зеландия, острова Кука и Гавайские острова – С1b2a-M38; центральноевропейские гаплотипы (Англия, Ирландия, Шотландия, Италия, Испания, Венгрия, Греция, Польша) – С1a2a1-V222, и так далее. Свою отдельную ветвь имеют гаплотипы Гавайских островов и Новой Зеландии, к ней примыкает ветвь филиппинцев.

*>> Насколько мне известно, старейшие субклады этой гаплогруппы находятся в Индии. Не логичнее ли предположить о ее индийском происхождении?*

В Индии носители гаплогруппы С есть, как и в Шри-Ланке, и вообще по всей Юго-Восточной Азии, но я не припоминаю, чтобы там были «старейшие субклады». Вряд ли там есть более древние субклады, чем тот, что найден в Костенках. Наконец, в гипотезах о происхождении «не логичнее ли» не помогает. Нужна не только датировка, но и прослеживаемые пути миграции носителей гаплогрупп в разные регионы мира. Если, конечно, датировка не настолько древняя, что других вариантов особенно не оставляет. Хотя и в этом случае, как видите выше, я написал «возможно». Слова «логично» у меня там нет, и быть не может. Если хотите проследить пути и датировки миграций, пожалуйста. Базы данных доступны.

*Владимир* говорит:

[23.04.2016 в 11:13](#)

Да, я бы хотел проследить пути и датировки миграций гаплогрупп С и Е. Где можно найти базы данных? Я считаю предположение, что Костенки могут находиться относительно близко к региону появления первых гаплогрупп неафриканцев, слишком смелое. Период от появления гаплогруппы С 65 тыс. лет до возраста остатков в Костенках 40 тыс. лет достаточно продолжителен. Около 25 тыс лет! За такой срок миграция гаплогруппы могла полпланеты охватить. Но ничего другого мы на сегодняшний день не имеем. То есть, древние жители Костенков – предки неафриканского населения планеты.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[23.04.2016 в 23:42](#)

*>> Я считаю предположение, что Костенки могут находиться относительно близко к региону появления первых гаплогрупп неафриканцев, слишком смелое. Период от появления гаплогруппы С 65 тыс. лет до возраста остатков в Костенках 40 тыс. лет достаточно продолжителен.*

Вы, к сожалению, рассуждаете «по понятиям». Мы не знаем, какова была динамика первых выживших и образовавшихся гаплогрупп после прохождения бутылочного горлышка  $64 \pm 6$  тысяч лет назад. Поэтому совет: хотите быть в рамках науки – избегайте неконкретных фраз типа «достаточно продолжителен», и на этом что-то строить и давать оценки. Тот скелет был датирован в 40 тысяч лет назад. Само же поселение – примерно 50 тысяч лет назад. Датировка бутылочного горлышка даже с приведенной погрешностью могла оказаться 58 тысяч лет назад, но и там мог быть сдвиг при расчетах, что если там окажется, скажем, 52 тысячи лет, тогда что? Поэтому надо оперировать в пределах того, что мы знаем, понимая, что всегда могут быть ошибки. И в датировке 40 тыс. лет назад могли допустить заметную погрешность, и в 50 тыс. лет могли недооценить, поэтому зачем вычитать, и не вносить, хотя бы ментально, ожидаемые погрешности, и на этом что-то основывать? Тем более что есть другие данные, тогда зачем принимать во внимание только одно?

Другие данные – что в Костенках пока самый древний субклад из всех ископаемых гаплогрупп, самые верхние сипы C-M130, C-P255, C-V183, датировка их образования по данным группы YFull –  $65400 \pm 3200$  лет назад. И именно они в Костенках. Самые древние найденные скелетные останки – в Европе, с датировкой 45 тысяч лет, на сипы их не проверяли. Поэтому по совокупности имеющихся в наличии данных костенковец – самый древний из известных. И еще – заметьте, что я никогда не утверждал, что в именно Костенках жил первый неафриканец, как и то, что Вы пишете: «*То есть, древние жители Костенков – предки неафриканского населения планеты*». Заметьте, как я осторожно формулировал: «Из этого рассмотрения можно сделать предварительное заключение, или, скорее, предположение, что современные Костенки могут находиться относительно близко к региону появления первых гаплогрупп неафриканцев».

>> Да, я бы хотел проследить пути и датировки миграций гаплогрупп C и E. Где можно найти базы данных?

Советую для начала посмотреть:

<https://www.familytreedna.com/public/Chaplogroup/default.aspx?section=yresults>

<https://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE/default.aspx?section=yresults>

<https://www.familytreedna.com/public/E3b?iframe=yresults>

[http://www.ysearch.org/haplosearch\\_start.asp](http://www.ysearch.org/haplosearch_start.asp)

И. Рожанский говорит:

[19.04.2016 в 09:01](#)



>> *Насколько мне известно, старейшие субклады этой гаплогруппы находятся в Индии. Не логичнее ли предположить о ее индийском происхождении?*

“Старейшие субклады” – это очень обтекаемая формулировка, в которую каждый вкладывает свой смысл. Например, кого из одноклассников следует считать старейшим – того, кто родился чуть раньше, чем его сверстники, того, у кого самые возрастные родители, или того, кто может назвать своих предков на большее число поколений, чем остальные? Если не давать четкого определения, то все 3 варианта равноправны.

По-видимому, Вы вкладываете в это понятие тот смысл, что в Индии представлены субклады, отошедшие от общего предка гаплогруппы С раньше остальных? Если да, то то же самое можно сказать и про ветви, найденные в Европе (V20>V222), Австралии (F1370>M347) или Японии (M8). Все они настолько далеко разбросаны и прошли через столь большое число бутылочных горлышек, что сейчас довольно сложно установить место, из которого начали расходиться их предки. А вот то, что такие линии пока не были найдены в Африке, равно как и не менее древняя гаплогруппа D, – это в самом деле серьезный аргумент против модели выхода из Африки.

Что касается Индии, то не надо ловиться на то, что там нашли “недифференцированные” гаплотипы С\*. Довольно часто оказывается, что они были “недотипированы” в пределах довольно скромного набора снипов на заре массового ДНК-тестирования. К примеру, среди индийцев из штата Гуджарат, исследованных по программе “1000 геномов”, есть группа в составе 10 человек из “старейшего” субклада С\*, по классификации 2008 года. Однако их общий предок жил всего 1850±360 лет назад, и для них была установлена цепочка снипов F3393>F1370>P92. Вряд ли будет сюрпризом, если и другие С\* обретут свое место на древе. Хотя Индийский субконтинент и остается одним из кандидатов в прародину гаплогруппы С, но далеко не единственным и даже, скорее всего, не основным. Однако без древней ДНК с юга Азии пока сложно сделать выбор.

*И. Рожанский* говорит:

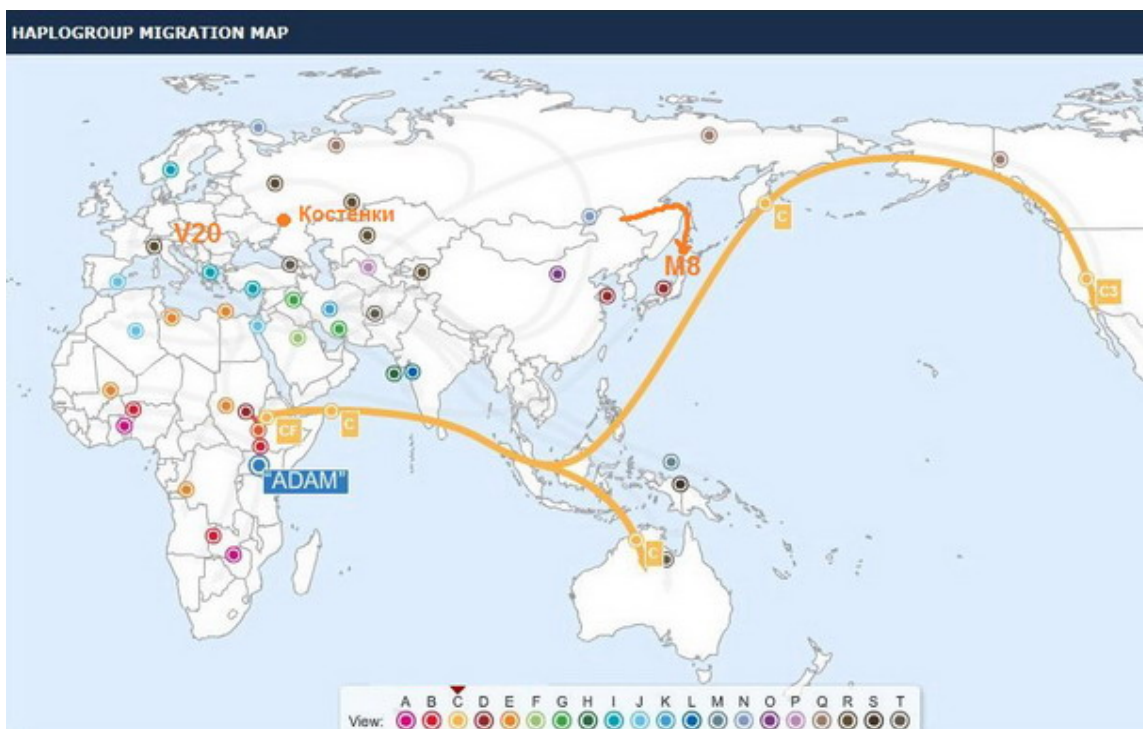
[19.04.2016 в 16:46](#)

>> *только из С1а образовались «параллельные» С1а1-М8 и С1а2-V20... Носители последнего и были найдены в Турции, Испании и Венгрии.*

Самое любопытное здесь, где были найдены носители **первого**, то есть С1а1-М8. Это противоположный конец Евразии – Япония. Нигде за ее пределами представители этой ветви не найдены, а датировка ее предка, 4200±500 лет назад, уводит во времена культуры Дзёмон,

просуществовавшей на архипелаге почти 13 тысячелетий. Такой разброс по географии между родственными ветвями впечатляет не менее, чем время, когда жил их общий предок из родительской ветви CTS11043. По расчетам команды YFull, это  $47000 \pm 5000$  лет назад. Если бы не их малочисленность, то субклады C-M8 и C-V20 вполне заслужили бы статус самостоятельных гаплогрупп. К примеру, из сводной гаплогруппы P в то время еще не выделились Q и R.

Поскольку, по косвенным данным (распространению керамики, митохондриальной ДНК и палеоазиатским чертам Кенневикского человека, в частности), предки людей Дзёмон пришли в Японию около 15000 лет назад по маршруту Приамурье-Сахалин-Хоккайдо, то исчезнувшие промежуточные звенья между C-M8 и C-V20 следует искать, скорее всего, в зоне умеренного климата, протянувшейся через всю Евразию. О шкале времени речь шла чуть выше. В свою очередь, это практически сводит на нет вероятность т.н. «берегового маршрута» гаплогруппы C, который все еще предлагается в качестве основного на сайте компании FTDNA:



Насколько могу судить по литературе, археологи также отвергают этот маршрут ввиду отсутствия каких-либо находок, его подтверждающих. Скорее всего, мы имеем дело с умозрительной конструкцией – побочным продуктом модели выхода из Африки. Такие вот соображения возникли в ответ на, казалось бы, незатейливый вопрос о гаплогруппе C.

*Владимир* говорит:

[23.04.2016 в 10:37](#)

Мне, конечно же, весьма льстит, что из моего незатейливого вопроса о гаплогруппе С возникают соображения об альтернативных маршрутах заселения человечеством планеты. Очевидно, приведенная здесь схема “берегового маршрута” притянута за уши к теории выхода человека с Африканского рога. В связи с этим интересно еще с гаплогруппой Е разобраться. А именно – проследить методами ДНК-генеалогии пути миграции носителей этой древнейшей и широко распространенной гаплогруппы.

*И. Рожанский* говорит:

[23.04.2016 в 19:23](#)

>> соображения об альтернативных маршрутах заселения человечеством планеты.

Если честно, то в этом контексте астронома можно назвать альтернативным астрологом. «Береговой маршрут» – это настолько ходульная конструкция, что там и обсуждать особенно нечего. Единственная зацепка, помимо естественного желания «пристегнуть» гаплогруппу С к Африке, это наличие ветви С-М347 у австралийских аборигенов. Но ведь у них еще и гаплогруппа К присутствует, а ее, кажется, никто таким путем по свету не отправлял. Более того, датировка останков из Усть-Ишима находится очень близко к расчетному времени образования гаплогруппы К как таковой. Морское побережье оттуда очень далеко.

С путями гаплогруппы Е пока ясности меньше. Очевидно лишь то, что в Африку ее носители пришли очень давно, как можно судить по времени жизни общего предка субкладов E1-P147 и E2-V75, из которых второй сравнительно невелик по численности и встречается в основном в Восточной Африке. Оценка по снипам дает  $54000 \pm 4000$  лет. Причем, похоже, в Африку носители гаплогруппы Е пришли не одни, а в сопровождении гаплогруппы В, а может быть, и экзотической А0. Все они начали свой рост примерно в то же самое время. Однако их пути и стартовые точки пока реконструировать сложно. Некоторую подсказку могли бы дать сведения о родственной азиатской гаплогруппе D, но по ее ветвям, за исключением «японских» и «тибетских», пока очень мало данных.

*Илья Рыльчиков* говорит:

[19.04.2016 в 22:33](#)

Здравствуйте Анатолий Алексеевич! С восторгом слежу за Вашей подвижнической деятельностью. Спасибо Вам большое. Хочу задать Вам вопрос. Я регулярно знакомлюсь с Вашими книгами и публикациями, с публикациями Игоря Львовича Рожанского, Лидии Павловны Грот и других авторов Переформата и Академии ДНК-генеалогии. Выше моих сил объять необъятное. У меня нет возможности сейчас досконально изучить субклады и гаплогруппы и читать их как открытую книгу. На данный момент я не закончил свои другие дела и не хочу и не могу бросать их, недоделав, останавливаться на половине пути. Но в дальнейшем я хотел бы заниматься, не один конечно, в коллективе, восточно-славянским проектом, или если обозначить уже – Волго-Окским проектом. Возможно, я рассуждаю о чём-то трудноосуществимом. Может быть, мои фантазии тяжело реализуемы, но я мыслю следующим образом: если хорошенько изучить труды профессора Веселовского, касающиеся Подмосковья, или, например, книгу А.Л. Монгайт «Рязанская земля», и/или подобные труды и о Подмосковье, и о Рязанской земле, и касающиеся Ярославских, Нижегородских, Владимирских, Тульских, Калужских краёв и земель и прочих, близко прилегающих к Москве. Тех краёв, где во время ВОВ не было массового исхода населения, тех, что выше засечной черты, где не было запустения во времена до Ивана Грозного, если изучив эти труды, выделить небольшие поселения, упоминаемые с самых давних времён, например с 14-го века, а где-то и раньше, захолустные деревни, те деревни, куда не пришла цивилизация. А также если совместно с местными краеведами поработать над вопросом, где были деревни однодворцев, а где барские деревни, в которые завозили крепостных.

На самом деле, специалисты на местном уровне имеют огромное количество различной информации. А в архивах её ещё больше. Таким образом, проделав подготовительную работу, можно выявить потенциально перспективные сёла или деревни, после этого в этих деревнях найти людей, чьи деды и прадеды и их деды ниоткуда не приехали, а всегда жили в этих деревнях, и выборочно, у определённого количества людей сделать не очень детальный анализ Y-хромосомы, достаточный для качественной оценки. Задачу исследований можно сформулировать так: «Получение гаплотипов вятичей, кривичей, муромы и других племён». Возможны варианты в целях и задачах подобных исследований.

Я понимаю, что всё стоит денег, а подобный проект будет очень дорого стоить, но я не говорю о наших сегодняшних реалиях и возможностях. То, о чём я говорю – это большая работа для хорошего НИИ. Но возможно, через некоторое время, может быть, спустя несколько лет такой проект будет вполне осуществим. Ведь рано или поздно различные грантоеды перестанут Вашим именем пугать маленьких детей и вопросы и задачи ДНК-генеалогии станут государственными

вопросами. Я понимаю, что в принципе возможно всё, любой проект, даже полёт в соседнюю галактику. Поэтому хочу спросить, целесообразно ли так, как я изложил, ставить задачу, заниматься подобными исследованиями, при условии гос. поддержки, конечно, или хотя бы поддержки филантропов, Алишеров Усмановых, или я упрощаю, схематизирую реальность и такой подход не сможет принести ясности и вычленишь современных наследников вятичей и кривичей не представляется возможным? Хотя в Вашей книге я видел, что, например, гаплотипы туляков и рязанцев ближе друг к другу и отличаются от гаплотипов брянских и смоленских, которые, в свою очередь, тоже близки друг к другу. Или быть может ставить задачу так, как предлагаю я нереалистично, и для изучения гаплотипов потомков вятичей и кривичей нужен только многотысячный вал анализов современных туляков и, к примеру, смолян и т.д. И остаётся лишь ждать тот вал, объём анализов, к которому мы со временем придём. С уважением, Илья Рыльчиков.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[20.04.2016 в 09:39](#)

Уважаемый Илья, Вы подняли большой и важный вопрос. Действительно, проект, в котором были бы идентифицированы гаплотипы и субклады гаплогрупп вятичей, кривичей (смоленских, изборских и северных), муромы, полян, древлян, ильменских словен, полочан, радимичей и дреговичей, северян, вольнян, бужан, дулебов, уличей, тиверцев, белых хорват и других – был бы исключительно важен и для историков, и для нас самих, потомков этих славянских племен. Сопоставляя с нашими собственными гаплотипами и субкладами, мы могли бы узнать, к какому именно древнему славянскому племени принадлежали наши предки. Можно только представить, как поднялся бы интерес к литературе, книгам, статьям по этим племенам, люди впитывали бы информацию о своих прямых предках.

Теперь, как этого достичь. Наиболее прямой путь – работать с археологами, получать от них паспортизированные (непрерменно) костные образцы, извлекать из них ДНК и напрямую определять гаплогруппы, субклады и гаплотипы. Археологи будут определять, к какому именно племени относились эти скелетные останки. Это – непростая задача, но у археологов есть наработки в этом отношении. А определение палео-ДНК в отношении их гаплогрупп и гаплотипов будет проводить московская Лаборатория ДНК-генеалогии, если с текущими переговорами ничего не сломается. Пока всё нормально. Они запрашивают год для отработки методологии этой работы, накопив опыт массового тестирования. Разумеется, на такую работу нужно целевое финансирование, но есть надежда, что после года (или даже меньше) массового тестирования внимание к этому будет привлечено, в

том числе внимание людей, от которых зависит выполнение данного проекта. В том числе тех, кто может обеспечить финансирование этого проекта, лично или на государственном уровне. Разумеется, члены Академии ДНК-генеалогии могут заниматься этим проектом, и, более того, их участие приветствуется. В чем именно будет заключаться их работа, это, конечно, вопрос индивидуальный. Но этот вопрос мы отладим.

То, о чем Вы пишете, а именно читать книги, ездить по городам и весям, говорить с краеведами – при всей важности этого дела это будет другой проект. Захолустных деревень уже практически не осталось, тем более со времен древней Руси, или хотя бы средневековья. Краеведы или местные жители могут рассказать много, но эта информация не может быть взята за основу. Если Вам краевед скажет, что вот тот дед Василий – потомок древних вятичей, то такую «доказательную базу» у Вас никакой научный журнал не примет, да и без журнала всё равно эта информация ненадежная. Нельзя на ее основании делать выводы. Вы получите весь спектр гаплогрупп «от Москвы до самых до окраин», вот и гадайте, вятичи это или кривичи, или кто другой.

Так что такой Проект выполним, более того, он есть в списке Проектов Академии ДНК-генеалогии. С ним можно ознакомиться на сайте Академии.

*Илья Рыльчиков* говорит:

[21.04.2016 в 00:18](#)

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич, за развёрнутый ответ!

*Андрей* говорит:

[20.04.2016 в 01:35](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Спасибо Вам за вашу работу! Нужно дело делаете! У меня к Вам несколько вопросов.

1. Носителями какой гаплогруппы в своей основе были древние римляне?
2. Вы могли бы поподробнее рассказать про гаплогруппу R2?
3. Можно ли утверждать, что чем более молодая гаплогруппа, тем больше потенциала для развития у носителей данной гаплогруппы? На сегодняшний день самые молодые гаплогруппы – это R1a и R1b.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:



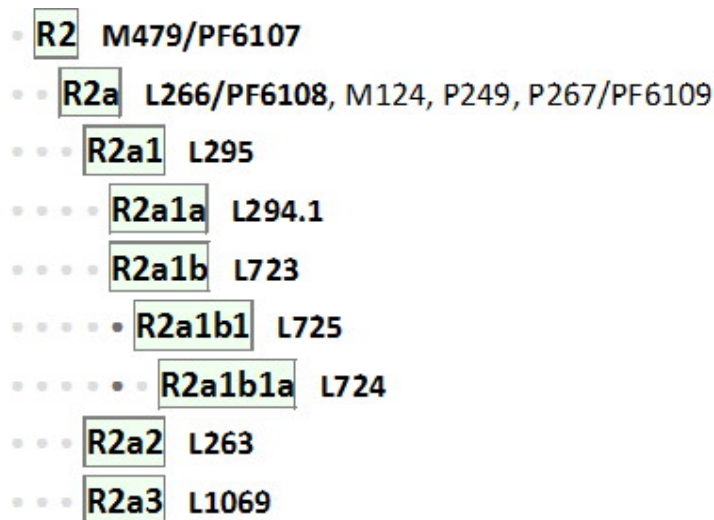
[20.04.2016 в 09:42](#)

Древние римляне имели все гаплогруппы, от А до Т, особенно к концу империи.

Не очень понятно, что такое «больше потенциала развития у носителей гаплогруппы». Да, гаплогруппы R1a и R1b самые молодые, но чем, например, у гаплогруппы I1 (основные в Швеции) меньше потенциал развития? Или у основной китайской гаплогруппы О? Или у J1 в Израиле?

>> Вы могли бы поподробнее рассказать про гаплогруппу R2?

Эта гаплогруппа находится в целом на периферии научного интереса западных исследователей, что и находит отражение в степени проработанности ее субкладов. Диаграмма субкладов гаплогруппы R2 по данным ISOGG-2016 (Международного общества генетической генеалогии):



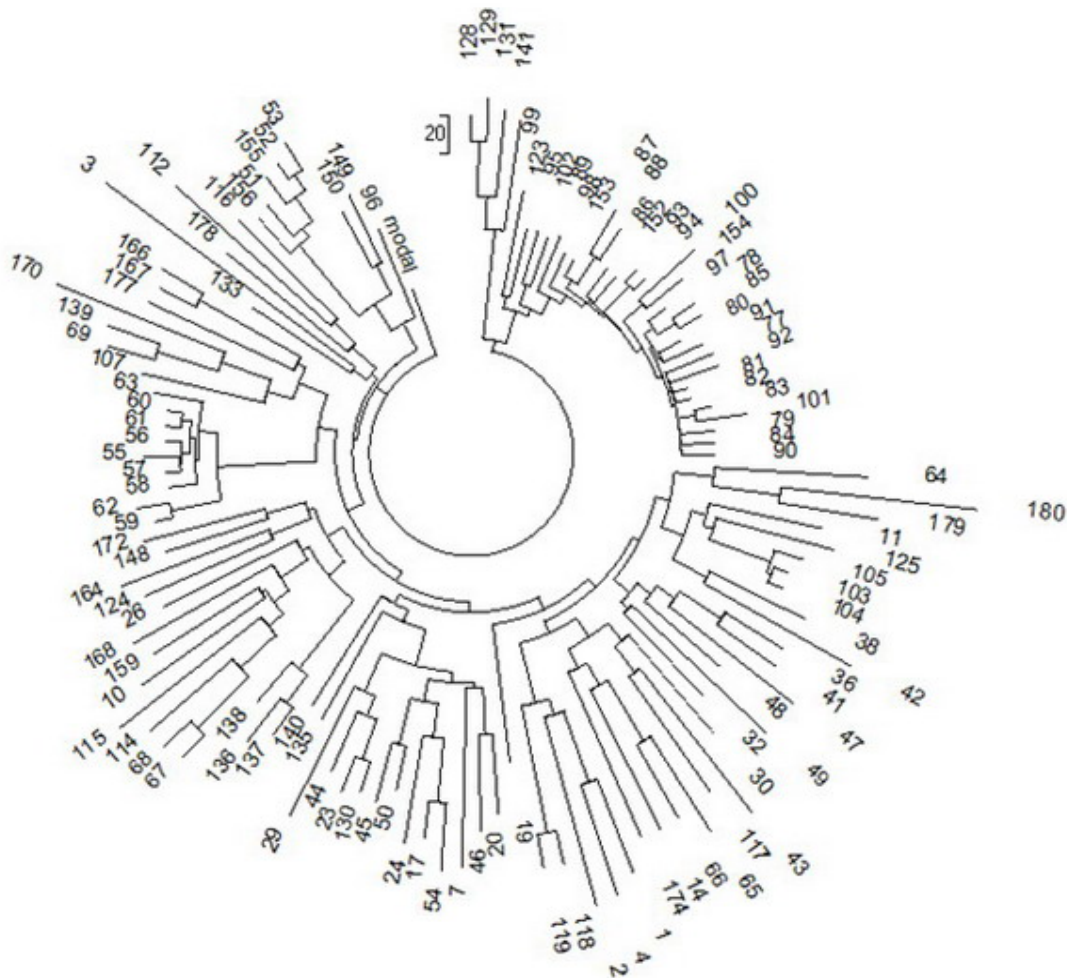
В сети работает Проект гаплогруппы R2, который объединяет 180 носителей данной гаплогруппы. Если отобрать из них только те регионы/страны, которые представлены там как минимум пятью гаплотипами (в любом формате), то это страны:

Индия 41 человек  
Турция 11 человек  
Украина 10 человек  
Россия 8 человек  
Иран 7 человек  
Саудовская Аравия 7 человек

Белоруссия 6 человек

Кувейт, ОАЭ, Пакистан, Казахстан, Латвия – по пять гаплотипов.

Так что это «ядро» составляет только треть от всех представленных гаплотипов, остальные рассеяны по многим регионам в небольших количествах. Но среди носителей гаплогруппы R2 есть довольно компактная группа, с относительно недавним общим предком, и это евреи. Посмотрим на дерево гаплотипов:



Дерево из 120 гаплотипов гаплогруппы R2 в 37-маркерном формате. Общій предок всего дерева жил  $6000 \pm 610$  лет назад. Небольшая ветвь слева (гаплотипы 55-63) – родственная группа из Англии и США, с общим предком  $475 \pm 130$  лет назад. Справа наверху – протяженная ветвь евреев из 29 гаплотипов, все вместе содержат 104 мутации, то есть их общий предок жил  $104/29/0.09 = 40 \rightarrow 42$  условных поколений назад, то есть  $1050 \pm 150$  лет назад. Гаплотипы взяты с [Проекта гаплогруппы R2](#).

Дерево состоит из трех основных ветвей. Нижняя правая и нижняя часть дерева – гаплотипы субклада R2a1-L295, который образовался примерно 10 тысяч лет назад. Гаплотипы слева относятся к нижестоящему субкладу R2a1a-L294, возраст которого примерно 7700 лет. Верхняя довольно протяженная ветвь справа – гаплотипы евреев-ашкенази из Украины, России, Белоруссии, Литвы, Польши. Их общий предок жил  $1050 \pm 150$  лет назад. Эта датировка характерна для практически всех ветвей евреев-ашкенази разных гаплогрупп в Европе. В целом же все дерево происходит от общего предка, который по оценкам жил примерно 6 тысяч лет назад, но эта величина может оказаться заниженной из-за неоднородности дерева.

Можно было бы провести более надежный анализ по каждой ветви, а затем по предковым гаплотипам каждой ветви, но сейчас нам это не особенно нужно. Общая характеристика дерева получена.

*И. Рожанский* говорит:

[20.04.2016 в 10:05](#)

*>> Можно ли утверждать, что чем более молодая гаплогруппа, тем больше потенциала для развития у носителей данной гаплогруппы?*

Можно, если принять точку зрения ребенка, что ветер дует оттого, что деревья качаются)) Это исследователи присвоили значки гаплогрупп молодым, быстро растущим ветвям, а не молодость – отличительный признак гаплогрупп с “большим потенциалом”. Посмотрите чуть выше обсуждение реликтовых ветвей C-V20 и C-M8. Если исходить только из схемы ветвления Y-хромосомных линий, то они – вполне самостоятельные гаплогруппы, наравне, например, с T или N. Однако их рассматривают всего лишь как субклады древней и чрезвычайно разбросанной гаплогруппы C, поскольку их численность очень мала, да и открыты они были уже тогда, когда сводное древо гаплогрупп было сверстано в общих чертах.

Строго говоря, приведенные Вами в качестве примера гаплогруппы R1a и R1b следует называть субкладами. Гаплогруппа, по определению, обозначается одной буквой, за исключением древних A00, A0 и A1. Если под потенциалом для развития Вы подразумеваете динамику роста, то на сегодняшний день вне конкуренции находится субклад E-M2, доминирующий в Африке. Кстати, тоже достаточно молодой – порядка 11000 лет до предка.

*Борис Попов* говорит:

[20.04.2016 в 09:22](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! В ДНК-генеалогии мне приходится делать лишь первые шаги, поэтому могу многое ещё не понимать. Нужна помощь таких специалистов, как Вы. В базе данных IRAKAZ есть 3 жителя Германии носители R1a-M420 (№24, 25, 26). Если сравнить мой 37-маркерный гаплотип с таким же гаплотипом любого из них, то калькулятор Килина-Клёсова даёт мне время жизни общего предка с каждым из них около 6000 лет тому назад. На основании этого подсчёта я делаю вывод о том, что тот мой предок, который жил 6000 лет тому назад, был не только моим предком, но и предком этих трёх немцев. Так это или нет? Или надо ещё что-то учитывать? Спасибо!

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[20.04.2016 в 19:28](#)

Уважаемый Борис, так «рассчитывать» категорически нельзя, если Ваш гаплотип не относится к тому же субкладу, R1a-M420. Попробую пояснить. Представьте себе две аккуратных узких ямы рядом, обе глубиной по два метра. На дне каждой лежит мячик. Какое расстояние между мячиками? Вы принимаете это расстояние как, например, 40 см, то есть просто и формально связываете их прямой линией, через землю. А на самом деле, расстояние между ними – более 4 метров, если понимать под расстоянием путь, который надо преодолеть между мячиками без нарушения почвы. Так вот, одна яма – это M420, другая – Ваш субклад. Корректный расчет возможен только тогда, когда гаплотипы находятся «в одной яме», то есть принадлежат одному субкладу.

Вы же, делая свой расчет, получаете «фантомного» общего предка, и полагаете, что находите общего предка между Вами и теми двумя представителями субклада M420. Но у них своя «яма», глубиной в пределе 20 тысяч лет, у Вашего субклада – своя, глубиной, скажем, 2500 лет. Первая проблема – Вы не знаете, какой базовый (предковый) гаплотип в такой системе, то есть от какого уровня отсчитывать мутации. Ямы-то разные, и на дне каждой – свой базовый гаплотип. Поэтому, складывая число мутаций в их гаплотипах и Вашем, Вы просто складываете некие числа, у которых в данном случае нет прямого смысла. Максимум, что Вы сможете получить, и то при случайном стечении обстоятельств, это разницу в числе мутаций между базовыми гаплотипами M420 и Вашим. А в зависимости от того, насколько их гаплотипы удалены от их базового гаплотипа, а Ваш – от вашего базового гаплотипа, Вы получаете любое число в большом диапазоне.

Поэтому подобные расчеты имеют смысл всего в нескольких случаях. Например, имеете два базовых гаплотипа двух субкладов или гаплогрупп (Вам известных), и рассчитываете, когда жил их общий

предок, то есть вышестоящий субклад или гаплогруппа. Или имеете большой набор гаплотипов одной гаплогруппы, в котором представлены самые разные субклады, которых Вы и не знаете, тогда получаете время жизни общего предка всей гаплогруппы, но с ошибкой, часто неконтролируемой.

Часто люди присылают два гаплотипа, и спрашивают, когда жил их общий предок. Это возможно рассчитать лишь тогда, когда оба гаплотипа относятся к одному субкладу. Если субклады разные, то расчетное расстояние, как правило, существенно занижено. Например, в наличии два гаплотипа из двух разных субкладов, каждый «возрастом» 2500 лет. Это означает, что общий предок обоих субкладов не может быть «моложе», чем 2500 лет. А гаплотипы имеют всего пару мутаций между ними, и формально получается, что общий предок жил всего 300 лет назад. Как видите, ответ неверный. Причина в том, что от каждого общего предка расходятся «куст» гаплотипов, и эти кусты часто пересекаются между субкладами. То есть при пересечении может получиться, что разницы между гаплотипами вообще нет, они одинаковы, а общий предок не может быть «моложе», чем 2500 лет назад. А вот когда оба гаплотипа находятся в одном субкладе, то они находятся на одном «кусте», и расчеты намного точнее.

Закключение таково, что если хотите получать осмысленные данные, то надо понимать систему, знать гаплогруппы и субклады, рассматривать по возможности максимально протяженные гаплотипы, знать константы скоростей мутаций. Иначе получается популяционная генетика. Или, как говорят в народе, нонсенс.

*Борис Попов* говорит:

[21.04.2016 в 00:21](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Во-первых, большое спасибо за быстрый ответ и пояснение. Ранее у меня возникали мысли о том, что нельзя просто так считать на калькуляторе Килина-Клёсова возраст общего предка людей с разными гаплотипами. Но до сих пор нигде не сталкивался с предупреждениями на этот счёт. Хотя обращал внимание на то, что в моих расчётах в одном случае получался возраст общего предка с великоросом (IRAKAZ №2886), относящимся к моему субкладу R1a-Z92, равным 1020 лет, и в другом случае с поляком (kit 48908), относящимся к чужому субкладу R1a-Z93, равным тем же 1020 лет, что абсурдно. Поэтому исключил из своих дальнейших расчётов чужие субклады. Рассчитал только тех, кто относился к R1a-Z92. У меня получилась известная Вам таблица 1. Но Z92 является сыновней по отношению к Z280. Поэтому мне захотелось посчитать и их. Получилась некая «отцовская» таблица 2. Теперь мне понятно, что в неё нужно вносить коррективы с учётом Вашего пояснения. Но как это правильно

сделать? Хочется ведь не стоять на месте, а углублять свои знания в ДНК-генеалогии. Может, мне в моих расчётах таблицы 2 требуется прибавить к полученным ранее результатам некую константу, учитывающую разницу между примерным временем появления Z92 и Z280? Или я не прав? И также пересчитать все последующие таблицы 3-7 по восходящей (Z282, Z283, M17, M512, M459 и M420)?

С другой стороны, если вернуться к тем же трём немцам, относящимся к R1a-M420, то, как я понимаю с Ваших слов, наш общий предок мог жить не 6000 лет тому назад, а раньше. Но ведь это же замечательно! Это ведь уже отличная пицца для размышления!

Тут как раз возникает третий вопрос. Если те же три немца сохранили самый старший субклад R1a-M420, а у меня он оказался совсем молодым R1a-Z92, то почему возникла такая разница? Не означает ли это то, что предкам моей генеалогической ветви пришлось помотаться по белу свету гораздо больше, чем предкам той ветви, к которой относятся эти немцы?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.04.2016 в 06:07](#)

*>> Ранее у меня возникали мысли о том, что нельзя просто так считать на калькуляторе Килина-Клёсова возраст общего предка людей с разными гаплотипами. Но до сих пор нигде не сталкивался с предупреждениями на этот счёт.*

Вести расчет по разным гаплотипам как раз можно, только не линейным методом, а квадратичным. Но в любом случае надо понимать, какие есть подводные камни, а это понимание приобретается при расчетах десятки и сотни раз, причем расчетах в разных форматах и сравнением результатов друг с другом, с размышлениями. В общем, как и в любой другой науке. Главное правило – нельзя просто считать число мутаций и бездумно их складывать и делить на константу скорости. При этом всегда что-то получится, но смысл? Без иронии – именно так считают популяционеры, поэтому они рано или поздно приходят к выводу, что считать вообще нельзя. Некоторые пишут статьи, что считать по гаплотипам нельзя, а когда посмотришь, на чем это они основывают – волосы дыбом встают. Кошмар какой-то. Они любят брать «константы», которые получаются по парам отец-сын, не глядя на то, сколько мутаций прошло между отцом и сыном в одном поколении. А там – где одна мутация, где две, часто ни одной. И ведь умудряются «рассчитывать» константу скорости, когда между отцом и сыном в гаплотипах не прошло ни одной (!) мутации. Не верите – посмотрите таблицу в статье Ballantyne (2010), там много случаев, когда ни одной мутации, или одна, и везде рядом стоят «рассчитанные константы скорости мутации».



Вообще уровень работ популяристов по бессмысленности в этом отношении зашкаливает. Считать они патологически не умеют, а когда научились – то не думают. Научной школы совсем нет. Не пытайтесь за ними следовать в этом отношении. И не начинайте свои исследования по расчетам с малого числа гаплотипов. Берите сотни и тысячи гаплотипов, и считайте методами линейным, логарифмическим, квадратичным. Стройте деревья гаплотипов. Это все прибавляет знания. Это – ответ на Ваш вопрос – «Но как это правильно сделать? Хочется ведь не стоять на месте, а углублять свои знания в ДНК-генеалогии». Все мы начинали с этого.

>> С другой стороны, если вернуться к тем же трём немцам, относящимся к R1a-M420, то, как я понимаю с Ваших слов, наш общий предок мог жить не 6000 лет тому назад, а раньше. Но ведь это же замечательно! Это ведь уже отличная пища для размышления!

Вообще-то это само собой разумеется. Сами подумайте, когда мог жить общий предок R1a-M420, и, скажем, R1a-Z92. Это мог быть только M420, поскольку R1a древнее быть уже не может.

>> Не означает ли это то, что предкам моей генеалогической ветви пришлось помотаться по белу свету гораздо больше, чем предкам той ветви, к которой относятся эти немцы?

Нет, не означает. Константа скорости мутации – она и в Африке константа скорости мутации. Причем такая же, как и у немцев гаплогруппы R1a-M420, и у русских или поляков гаплогруппы R1a-Z92. На то она и константа.

*Борис Попов* говорит:

[21.04.2016 в 09:38](#)

Большое спасибо за пояснения! При расчётах таблиц мне и пришлось считать тысячи гаплотипов, но считал-то я просто автоматически, создавая, так сказать, базу для последующего размышления. Но один вопрос всё-таки остаётся. Может, он покажется Вам глупым. Почему, если мы исходим с теми же немцами от одного предка, но у них M420, а у меня Z92? Почему так произошло?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.04.2016 в 20:17](#)

Похоже, что Вы вкладываете в понятие «исходим от одного предка» не то видение. Мы ведь все исходим от общего предка с шимпанзе, а у нас – разные гаплогруппы. Почему так произошло? Можно и

передвинуть общего предка – мы все, кроме носителей гаплогрупп класса А, приходим от гаплогруппы ВТ, а у нас – разные гаплогруппы. Почему так произошло? Можно и проще – все ветви на дереве происходят от одного корня, а ветви разные, большие и малые, и направлены в разные стороны. Почему так произошло? Да потому, что дерево растет и ветвится. Отходят ветви, от них отходят малые, от тех – еще помоложе и потоньше. Так что да, Вы с теми немцами приходите от одного корня, и это один общий предок (пусть это будет общий предок с древними приматами, а ствол – эволюция Y-хромосомы человека). Далее, вы с теми немцами приходите от одной толстой ветви (это – гаплогруппа R1a-M420), которая отходит от ствола, на ней сидят те немцы, а до Вас еще время далеко не дошло. Но там, в месте отхода этой толстой ветви от ствола, общий предок Вас с немцами (датировка – примерно 20 тысяч лет назад). Потом от толстой ветви отходит ветвь потоньше, от той – еще одна, от той – еще, от той – еще тоньше (это – R1a-Z280), от той – еще более тонкая и недавняя, на ней – ваш субклад (Z92), а от нее отходят еще много веточек, от всех – еще много более тонких веточек, от каждой – еще много совсем тонких веточек, одна из них – Ваш гаплогрупп. Так какого общего предка Вы ищете? Они же по всему дереву, там масса этих «общих предков», каждый узел на ломаной линии, ведущей к Вашему гаплогруппу. А с тем, какого «общего предка» Вы хотите найти, надо определиться еще до того, как начали искать.

Если Вы сравниваете Ваш гаплогрупп с теми многими ближайшими к Вам тонкими веточками, то Вы нацелены на время появления своего субклада, это в основании той самой тонкой и недавней ветки, отходящей от более толстой. Грубо говоря, Вы берете свою тонкую веточку-гаплогрупп, соседнюю столь же тонкую веточку, складываете их толщины, что имеет смысл, обе одинаково тонкие, и в итоге узнаете, где находится ближайший узел-субклад. А что делаете на самом деле Вы? Вы берете свою тонкую веточку-гаплогрупп, затем толстую ветвь, которая находится от Вас далеко, и где сидят те немцы, складываете их толщины, получаете какой-то несуразный гибрид, делите пополам, и говорите, что «нашел, где общий предок». Да совсем не нашли, Вы «нашли» нечто в середине ветвей, между толстой и тонкой ветвью, чему и названия нет. Более того, поскольку ветви растут не прямолинейно (выгляните из окна и посмотрите на ближайшее дерево), по причинам неконтролируемым, Ваша часть дерева может изогнуться так, что Ваша личная тонкая веточка может оказаться рядом с той толстой ветвью, на которой сидят немцы, и между вашим и их гаплогруппами может оказаться совсем мало мутаций. Но расстояние между Вами измеряется не пространственной близостью (в этом – аналогия с мячиками, описанными выше), а последовательным путем по всем ветвям, и путь этот неблизкий. Поэтому для расчетов надо руководствоваться не просто числом мутаций, а всем путем. Его дают субклады. Путь от Z92 до M420 –

очень далекий, что бы число мутаций между гаплотипами ни показывало.

Эту картину нужно каждый раз держать в голове, когда используете калькулятор, или считаете вручную. Каждый раз задавайте себе вопрос – а знаю ли я, к каким субкладам (или к каким ветвям дерева гаплотипов) относятся те гаплотипы, которые я рассматриваю? Если знаю – то какой общий предок у меня получится, к какому субкладу он относится? Если у Вас два гаплотипа, и оба из разных субкладов, то ответ, скорее всего, будет неверный. Он не может быть меньше, чем возраст самого древнего субклада из обеих. Если гаплотипы из двух разных ветвей на дереве гаплотипов, то ответ тоже будет неверный. Если гаплотипы из двух разных субкладов, то «общий предок» относится к вышестоящему субкладу по отношению к обоим, и его возраст не может быть меньше, чем возраст вышестоящего субклада.

В реалии могут получаться самые разнообразные ситуации. Бывает, что соседние субклады практически не разделяются на дереве гаплотипов, они смешиваются в одной ветви, и тогда расчет времени жизни общего предка может быть верным даже для разных субкладов. Например, один субклад датируется 1200 лет назад, второй 1300 лет назад, а общий предок получился 1400 лет назад. Но если он получился 400 лет назад, а субклады разные, то ответ неверный. В таком случае предок не мог жить ближе к нам, чем 1300 лет назад. Иногда говорят – но мы же не знаем более недавних субкладов, их еще нет в классификации, они пока неизвестны. Не помешает ли это расчетам? Нет, не помешает, потому что расчеты дают всегда времена для субкладов более ранних, вышестоящих. В общем, есть много разных вариантов, но расчет надо вести так, чтобы принимать во внимание максимум того, что известно про гаплотипы. То, что неизвестно, мы, конечно, учитывать не можем, но разум в любом случае исключать не надо. Ничего в описанном удивительно нет, мы применяем похожие принципы в нашей повседневной жизни, даже не задумываясь. Если вас спросят, какая длина рулетки, вы же не станете измерять поперечник рулетки, и сообщать, что длина рулетки 5 см.

*Борис Попов* говорит:

[22.04.2016 в 04:15](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Благодарю Вас за подробный ответ! Извините, что задаю много вопросов. Хочется ведь постичь все тонкости и избежать ошибок в расчётах. Своим умом я уже доходил, что при рассмотрении разных субкладов надо отбрасывать те результаты

расчётов, где возраст общего предка получался меньше возраста старшего субклада.

*Гостомысл* говорит:

[30.04.2016 в 20:27](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, насколько достоверен калькулятор Килина-Клесова, если просчитывать время жизни общего предка для трех 37-маркерных гаплотипов, относящихся к одному субкладу? Сохранится ли время с учетом погрешности, если потом сопоставлять с документальной генеалогией? Спасибо большое за ответ.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.04.2016 в 22:32](#)

Понятие «достоверность» здесь опять неконкретное. Поскольку «субклад» здесь понятие тоже неконкретное. Это что, R1a? Или R1b? Или что-то подобное? А в составе гаплогруппы R1b на сегодняшний день 836 субкладов, R1a – 74 субклада. Поэтому приходится повторять – надо проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Но есть и общие принципы – если субклады разные настолько, что в них разные базовые гаплотипы, то расчет всегда будет ненадежным, какой бы калькулятор или ручной расчет ни был.

Но поскольку Вы упомянули документальную генеалогию, то это обычно в пределах максимум 500 лет, за редкими исключениями. Если там даже разные мини-субклады, то базовые гаплотипы обычно одинаковы. Тогда, при последнем условии, что все три гаплотипа происходят от одного предкового, причем несколько веков назад, то «достоверность» будет определяться числом мутаций (от предкового гаплотипа) в этой серии из трех гаплотипах. А число этих мутаций будет мало. Например, в трех 111-маркерных гаплотипах, потомках одного общего предка, за 500 лет набегут всего в среднем 12 мутаций, и общий предок по расчетам окажется  $500 \pm 150$  лет назад. В трех 67-маркерных гаплотипах появятся в среднем 7 мутаций, и датировка будет  $500 \pm 200$  лет назад. В трех 37-маркерных гаплотипах – в среднем 5 мутаций, и датировка будет  $500 \pm 245$  лет назад.

Но это еще не все. Я написал – в среднем 5 мутаций (для трех 37-маркерных гаплотипах), это значит, что в сотне таких серий из трех гаплотипов будет наблюдаться 500 мутаций, в среднем по пять на серию. Это как бы колоколообразная кривая, где 5 мутаций – самая большая вероятность, на вершине колокола. А по бокам – 4, 6, 3, 7, 2, или 8 мутаций в той же серии из трех 37-маркерных гаплотипов. Одна или девять мутаций маловероятны. А остальные – вполне могут быть. Так

что, как видите, упомянутый калькулятор вовсе не при чем. Ручной расчет покажет то же самое. Калькулятор хорош тем, что автоматически делает поправку на возвратные мутации, а здесь их все равно нет, времени для них недостаточно.

Поэтому для трех гаплотипов, да еще в 37-маркерном формате, погрешность велика. Подобные расчеты полезны только «концептуально», чтобы понять, это тысячелетия до общего предка, или столетия. В целом информация может быть полезной, особенно когда сверяется с документальной генеалогией. И еще тогда, когда документальная генеалогия говорит одно, а в наборе – гаплотипы из разных гаплогрупп. Такие афронты тоже бывают.

*Гостомысл* говорит:

[30.04.2016 в 23:43](#)

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич. Считаю Ваш калькулятор одним из самых точных. По крайней мере, он, как правило, всегда показывает время, которое соответствует документальным генеалогиям. Можно вспомнить тех же Рюриковичей или Радшичей, тех же Макдональдов, Хоровитцов. Ваш калькулятор всегда выдавал то время, которое соответствовало документальным данным.

*NoApatrid* говорит:

[20.04.2016 в 12:59](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Большое спасибо за анализ распределения гаплогрупп по областям в европейской части России. Анатолий Алексеевич, существуют ли подобные исследования по землям ФРГ и воеводствам Польши?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.04.2016 в 00:42](#)

Я отвечу встречным вопросом – Вам интересно «просто так», типа «а мне интересно», или у Вас есть поставленная серьезная задача, для которой нужны эти сведения? Если первое – то формат данного ресурса не позволяет давать такие ответы, для них нужно писать целый трактат, но «а мне интересно» не стимулирует этим заниматься, на это нужно положить несколько часов, а то и дней. Или могу просто ответить, что да, существуют, но надо искать по базам данных и по сайтам. Если второе – то советую Вам этим специально заняться, материалы есть, но их нужно собирать и обобщать. Немцы и поляки этим много занимаются.

И. Рожанский говорит:

[21.04.2016 в 03:14](#)

Уважаемый NoApatrid, Вы, кажется, ломитесь в открытую дверь. Видимо, Вы недостаточно внимательно смотрели [раздел "Гаплогарты"](#) на сайте Академии ДНК-генеалогии. Там такая статистика есть (хотя и не со столь детальной разбивкой), как в графической, так и в табличной форме. То же самое касается Италии, Швеции, Испании, Японии, Китая, Индии и Грузии. Пользуясь случаем, хочу искренне поблагодарить администратора грузинского ДНК проекта Ираклия Ахвледивни за его чрезвычайно кропотливую и плодотворную работу на проекте. Советую координаторам будущих проектов Академии учиться на примере его работы.

Екатерина говорит:

[20.04.2016 в 17:03](#)

Анатолий Алексеевич, вопрос по поводу свастики в Америке. Прочитала статью в Вестнике ДНК-генеалогии за 13-й год, где эта тема обсуждалась. С какими гаплогруппами знак свастики мог мигрировать в Америку? Этот же вопрос есть и в последней статье на данном сайте. На мысль натолкнула Ваша цитата из книги "Славяне, Кавказцы, Евреи с точки зрения ДНК-генеалогии" – *"По той же логике образование мутации гаплогруппы R1 в составе популяции гаплогруппы R, которое произошло примерно 26 тысяч лет назад, привело к передаче ИЕ (или другого) языка того времени – который, конечно, совершенно отличался от современных ИЕ языков – от носителей гаплогруппы R носителям гаплогруппы R1"*.

Учитывая, что потомки R1 – R1a принесли с собой данный знак по всей зоне своей миграции, а представители R1b – мальтийский, или прямолинейный крест – по своей, мы можем предполагать, что предковая гаплогруппа в данном случае и являлась основателем данного мировоззрения, которое "эрбины" немного модифицировали. Ну и учитывая состав древних гаплогрупп среди индейцев Америки, именно эта и является возможным переносчиком с исторической родины. И ещё момент, если рассуждать, какой язык эта гаплогруппа передала своим потомкам, эрбин или ИЕ, свастика в данном контексте склоняет чашу весов именно к тесным контактам R1 и R1a, в связи с идентичностью символов. Следственно, больше шансов на один язык у носителей данных гаплогрупп.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.04.2016 в 01:27](#)



Уважаемая Екатерина, проще всего ответить – я не знаю, и это будет верно. Я не знаю, как свастика попала в захоронение американского «индейца», и мои попытки выяснить датировку захоронения не привели к успеху. Но, как понимаете, если датировка 200 лет назад – это одно дело, а если 8000 лет назад – дело другое. Я, признаться, не люблю фантазировать в таких ситуациях, поскольку это нерационально, и продукт фантазии никогда загадки не решает. Решают конкретные данные, которые и отбирают из поля продуктов фантазий более вероятные варианты ответов. Свастика для меня – второстепенный маркер, который обычно загадок тоже не решает.

Например, масса изображений свастик в Индии, но мы и так знаем, что там жили арии. Масса изображений свастик в мечетях на Ближнем Востоке, но мы и так знаем, что там жили арии. Но иногда этот маркер помогает, например, когда свастику мы видим на трипольской керамике, и на керамике в Китае и Таиланде, особенно если известны датировки этих предметов.

Есть и другие примеры, когда свастика не вовлечена, но рикошетом обосновывает, хотя бы немного, гипотезы. Например, у древних эрбинов свастики не было, но был прямолинейный крест, который в разных вариантах (как мальтийский, который Вы упомянули) сохранился до настоящего времени. В этой связи – есть крайне интересная маханджарская культура в тургайском прогибе, Кустанайская область, северный Казахстан. Ее примерная датировка – 10-9 тысяч лет назад. Костей человека пока не нашли, хотя там есть масса древних костей местных животных, доминируют сайгаки. Догнать сайгака – дело пустое, если только на автомобиле (так и делают), и то это превращается в опасный спорт. А у древних сайгаки были, похоже, обычным рационом. Значит, они разработали определенную методологию охоты. Есть подсказка – в маханджарской культуре есть огромные по протяженности сооружения, называемые сейчас геоглифами, их хорошо видно с самолета, это длинные цепи хорошо заметных холмиков, и они, возможно, играли роль как наблюдательные пункты, и для загона сайгаков. Так вот, свастики в маханджарской культуре нет, но есть прямолинейные кресты. Учитывая, что эта культура находится на пути древней миграции эрбинов, похоже, это они и были. Так что здесь играет роль не свастика, а ее отсутствие.

Теперь о Вашем соображении относительно древних гаплогрупп. Я перефразирую его так – нет оснований полагать, что свастика началась только с ариев. Более того, древняя свастика найдена по тихоокеанскому побережью России, и это было описано еще в конце 19-го века, так что нацисты там не при чем. Поскольку гаплогруппа P образовала R и Q, R образовала R1 и R2, а R1 – R1a и R1b, то не исключено, что солярный знак свастики мог идти из древнейших времен, от гаплогруппы P. Это,

правда, те самые фантазии, которых я сторонюсь, так как такие «доказательства» никто не примет, но это помогает себе представить, как свастика могла пройти по тихоокеанскому побережью, уйти в Америку, а в Азии с гаплогруппой R1a пройти к ариям. Правда, здесь есть один сбой – если свастика перешла от гаплогруппы Р к R1 и далее R1a, то почему она не перешла к R1b с таким же успехом? Отец-то, гаплогруппа R1, один и дети могут быть равнозначны. Но реальный пример показывает, что прямолинейная логика не всегда работает. Например, мальчика R1b похитили прототюрки, воспитали в своей среде, и он не узнал и не передал своим потомкам ни знаний о свастике, ни язык, который потом, через тысячелетия, стал арийским и индоевропейским. А у R1b остался прототюркским, который потом назвали неуклюжим именем «денекавказский», я назвал «эрбин», а многие лингвисты не назвали вообще никак. Возможно, в этом причина, почему языки у R1a и R1b разные. Но не перечесть любителей «прямолинейной логики», которые настаивают на том, что если R1a и R1b образовались от одной гаплогруппы (R1), то у них и языки должны быть одинаковые.

*Екатерина* говорит:

[21.04.2016 в 02:16](#)

Спасибо большое за понимание. Конечно, на данном этапе невозможно определить максимальную глубину во времени любых культурных аспектов, мы можем только предполагать. Речь идет о том, что потомки гаплогруппы Р сохранили этот знак в своей культуре. У Гудзь-Маркова, например, очень много внимания уделяется прямолинейному кресту в культурах Ирана и Средней Азии времён 7-5 тыс. лет до н.э. Данный символ широко представлен в посуде, как ритуальной, так и обычной на дне сосудов. Отсюда вывод, что им пользовались во время освящения пищи. То есть по сути он не так и разнится со свастикой по смыслу. Просто благодаря ДНК-генеалогии мы теперь знаем, что это миграционный путь эрбинов: самарская, хвалынская культуры и т.д. Так что смысловая нагрузка знака перешла как R1a, так и R1b, просто с небольшой вариабельностью. Видимо, кто дольше прожил друг с другом, или кто имел один язык, тот сохранил данный символ близко к оригиналу, как например R1 и R1a. И древние сипы R1 в Америке, это лишний раз подтверждают. Другие претенденты слишком молоды, либо слишком далеки культурно от источника. Разумеется это только гипотеза, которую вряд ли можно будет доказать ввиду отсутствия веских доказательств, таких как письменные источники и т.д.

*Сергей* говорит:

[21.04.2016 в 02:53](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Ваше недавнее замечательное интервью “Колоколу России” вышло под заголовком: [“Русофобов жжет истина: славяне древнее европейских наций”](#). Понимаю, что задача заголовка привлечь как можно больше читателей, но прочитав интервью, я обнаружил, что Вы подобного не говорили, да и не понятно как вообще из контекста можно сделать такой вывод. Скажите, пожалуйста, как Вы относитесь к подобным действиям журналистов, с одной стороны, они задачу выполнили – привлекли читателей, а с другой – такая подача идёт в ущерб сути, не принесёт ли это обратный эффект?

И второй вопрос, в интервью Вы говорите: *“Расчеты эти тесно связаны с историей, ведь данный метод позволяет рассчитать, например, когда предки современного человека пришли в Европу. У меня еще много лет назад получилась цифра – примерно 4800 лет назад. А поп-генетики постоянно называли другие данные – примерно 30 тысяч лет назад”*. Можно здесь пояснить, что имеется в виду под “современным человеком”, иначе можно подумать, что предки современного человека, то есть Homo sapiens попали 4800 л.н. в Европу по-вашему, и 30 л.н. по расчетам популяционных генетиков.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.04.2016 в 06:11](#)

>> ...под заголовком: *“Русофобов жжет истина: славяне древнее европейских наций”*. Понимаю, что задача заголовка привлечь как можно больше читателей, но прочитав интервью, я обнаружил, что Вы подобного не говорили, да и не понятно как вообще из контекста можно сделать такой вывод.

Естественно, не говорил, и говорить не мог. Это просто неверно. Но дело в том, что у того, кто интервью дает, и кто берет, разные задачи. В данном случае у меня – дать информацию, у издания – привлечь читателей. На самом деле интервью продолжалось четыре часа, и более 95% выпало, в том числе выпало то, что я рассказывал про соратников, соавторов статей, про Переформат, про Прямую линию, и многое другое. Но ситуация такая, что это приходится рассматривать как неизбежность, важен опять же вектор, а не сохранение всего содержания. И ради вектора приходится жертвовать порой и ладьей.

>> Скажите, пожалуйста, как Вы относитесь к подобным действиям журналистов, с одной стороны, они задачу выполнили – привлекли читателей, а с другой – такая подача идёт в ущерб сути, не принесёт ли это обратный эффект?

У меня к этому давно иммунитет. Часто искажают намного больше, приписывают то, что я вообще не мог сказать, причем то, что выше, про

заголовок, это еще цветочки. Как-то брали у меня интервью про появление интернета в СССР, и давали его от первого лица, то есть от меня. И вот я якобы сказал, что после поездки в США (в середине 1970-х годов) «капитализм ударил мне в голову», и так далее. Что «я глубоко женат» (типичное женское по стилю высказывание, и брала интервью, конечно, женщина). Но если для кого-то это принесет обратный эффект, то меня это не беспокоит, это значит, что интервью не для них. А обратный эффект при желании всегда можно найти. Да что там я – все знают, что В.В. Путин ни скажет, тут же его слова выворачивают как хотят. Чем не «обратный эффект»? Что он, за всем этим гоняется по сети? Или ему говорить ничего не надо? Просто выше какого-то уровня на это перестаешь обращать внимание. Важен вектор.

>> ...Можно здесь пояснить, что имеется в виду под “современным человеком”, иначе можно подумать, что предки современного человека, то есть *Homo sapiens* попали 4800 л.н. в Европу...

Всё очень просто – естественно, я говорил про гаплогруппу R1b, но редактор, видимо, решил, что это читателям непонятно. Если вчитываться, там такого много, и гаплогруппу я «ген», получается, называл, и еще много чего. Но сейчас я обратил внимание на комментарии-отзывы, и никто на это не обратил внимания. Опять, важен вектор, приоритеты, а не мелочи, на которых глаз читателя обычно не останавливается.

[V. M.](#) говорит:

[21.04.2016 в 06:27](#)

В качестве курьеза вспоминается случай, когда во время визита одного из высоких духовных лиц в Рим кто-то из недалеких журналистов среди прочего спросил, как тот относится к проблеме проституции. Последовал ответ, чтобы отшутиться, мол, неужели в Риме есть проститутки? (как у Булгакова: неужели среди москвичей есть мошенники?) Но в заголовке журналистского сообщения так и написали: Прибыв в Рим, он сразу поинтересовался, есть ли в Риме проститутки))

*Александр Васильевич* говорит:

[22.04.2016 в 10:09](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, в ноябре 2014 года я сделал анализ Y-DNA111 на FTDNA (Kit Number 374264) и мне сообщили гаплогруппу I-M423. Но в сентябре 2015 года они загрузили её, перенесли в I-P37. При этом цифры гаплогруппы не изменились, по крайней мере, на моей странице их сайта. На вопрос «мол, как же так?», они ответили:

«...Towards the end of last year the Y-Tree team was trying a new prediction algorithm where they were attempting to provide predictions that were further down the Y-DNA haplotree. What happened is that while most often the predictions were correct, there were times it was providing incorrect predictions. Due to this degree of error they chose to role the system back to only predicting the broad haplogroups, which is why you were moved back to P37. The prediction should not change again unless they are able to further refine the predictions and eliminate errors. I am sorry for the inconvenience this has caused». По Вашей ссылке на Переформате я скачал базу Y-DNA111 и сопоставил свой гаплотип с имеющимися там. И нашёл (с помощью Excel) Kit Number 343198, который отличается от моего на 11 мутаций.

Вопросы: 1) могу ли я сказать, что у нас гаплогруппы одинаковые, а именно I-CTS10228 (не делая допанализы на FTDNA)? 2) и что наш общий предок жил примерно 1400 лет назад (пользуясь Вашей формулой расчёта)?

С большим уважением к Вам и наилучшими пожеланиями.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[23.04.2016 в 02:54](#)

Уважаемый Александр Васильевич, это – довольно типичная ситуация. Дело в том, что есть два способа определить свой субклад, или снип (что по сути то же самое, просто запись другая). Один, по которому Вы пошли (то есть пошла компания FTDNA), это снип напрямую не определять, а определить гаплотип (определение которого Вы оплатили), и оттуда, по набору чисел в гаплотипе, «предсказать» субклад. Другой способ – это напрямую определить снип. Но за это компании надо дополнительно заплатить, примерно 39 долларов за каждый снип по Вашему выбору. Компания пошла по первому пути, потому что Вы у нее заказали только гаплотип, и оплатили только его.

Первый путь имеет свои плюсы и минусы. Плюс – он вполне устраивает новичков, он дает гаплотип и предварительный субклад/снип в «топорном» варианте, так, навскидку, причем только поверхностно. Плюс – потому что он дешевле, не надо дополнительно платить за снипы, потому что с первого раза снип никто не угадает. Например, в Вашем конкретном случае даже в сокращенном варианте списка снипов Вам, если не повезет, придется перебирать 14 снипов, что встанет Вам дополнительно в 546 долларов. Но новичкам это, как правило, не нужно, большинство из них довольны тем, что узнали свою гаплогруппу и гаплотип. И не так многие из них начинают копать глубже и глубже, зачастую не задаваясь вопросом, а зачем это им нужно, и какую цель они преследуют.

Второй путь – это прямое определение снипов. У Вас, повторяю, при минимальном переборе их 14. Вот они, поскольку Вы заранее не знаете, какая Ваша ДНК-линия, то не знаете, какой снип окажется Вашим «окончательным». А у Вас может оказаться одна из пяти основных линий:

R37.2 > CTS595 > M26 > L1286 > L233

R37.2 > M423 > L161.1 > L1498

R37.2 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS10228/L147.1 > S17250

R37.2 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS10228/L147.1 > Y4460

R37.2 > M423 > L621 > CTS10936 > CTS10228/L147.1 > Z17855

И здесь опять два варианта их определения. Или по одному, играя в лотерею, но FTDNA Вам не подскажет, с какого начать, это не в их интересах. В их интересах – выкачать из Вас дополнительные 546 долларов, в идеале (для них). Или делать глубокий анализ снипов, на основе биочипов. Тогда анализ идет на тысячи снипов сразу, и если не будет сбоев, то «Ваша» одна из пяти линий выше получится во всей красе, от первого снипа до того, какой у Вас «терминальный».

Могу подсказать, что у Вас с наибольшей вероятностью получится третья сверху линия, с терминальным снипом S17250. Он образовался в конце прошлой эры, примерно 2200 лет назад. Этот снип есть у большинства этнических русских, украинцев, белорусов, поляков, и в целом по всей Восточной Европе, от Греции до Балтики. Два других, параллельных ему (Y4460 и Z17855) тоже у некоторых получают, но редко. Наверняка там окажется некое территориальное/этническое распределение, но пока данных мало, чтобы его увидеть.

Теперь возвращаемся к Вашей ситуации с чехардой в FTDNA с M423 и R37.2. На самом деле это настолько поверхностные «предсказания» и снипы, что не имеет никакого значения, какой Вам приписали. Один образовался примерно 18 тысяч лет назад, другой 21 тысячу лет назад. Какая Вам разница? Они явно не Ваши терминальные. А вот терминальные, три варианта которых показаны выше, не разделяются даже на 111-маркерных гаплотипах. Они все образовались примерно 2200 лет назад, и мутационная история у них практически одинакова. В среднем с тех пор в 111-маркерном гаплотипе образовалось 16 мутаций от предкового гаплотипа. Делаем проверку – 16 мутаций делим на 0.198 (константа скорости мутаций для 111-маркерного гаплотипа), получаем 81 условное поколение, с поправкой на возвратные мутации получаем 88 поколений, то есть  $88 \times 25 = 2200$  лет до предкового гаплотипа. И так – во всех гаплотипах всех трех параллельных субкладах, время-то прошло одинаковое. Поэтому гаплотипы во всех перекрываются, и предсказывать субклады на этом уровне бесполезно.



Поэтому FTDNA предсказывает только «поверхностные» снипы, древние, со времени которых гаплотипы довольно надежно разошлись.

Если гаплотип, который Вы нашли в базе данных, отличается от Вашего на 11 мутаций, то это находится в зоне тех 16 мутаций, и значит с хорошей вероятностью он тоже находится в округе S17250, или на худой конец в зоне трех параллельных «терминальных» субкладов. Проверка: дистанция между двумя гаплотипами равна  $11/0.198 = 56 \rightarrow 60$  условных поколений, то есть 1500 лет, и общий предок жил на половине этой дистанции, то есть примерно  $750 \pm 240$  лет назад (погрешность определяется числом накопившихся мутаций).

*Александр Васильевич* говорит:

[23.04.2016 в 12:10](#)

Большое спасибо, Анатолий Алексеевич, за ясность и исчерпанность. Низкий Вам поклон и наилучшие пожелания.

*Сергец* говорит:

[23.04.2016 в 21:58](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Знаю, что Вы отдельно занимались исследованиями по евреям ашкенази, [здесь сообщается](#), что “Генетики признали идиш славянским языком и нашли его родину в Иране”. Один из исследователей Ваш знакомый Эран Эльхаик. Вот выдержка: “...Язык, география и генетика тесно переплетены между собой. Используя “генетический GPS” для анализа ДНК носителей идиша и других людей, нам удалось найти то место, где это наречие родилось свыше тысячи лет назад – раскрыть то, о чем лингвисты спорят уже несколько десятилетий”, – заявил Эран Эльхаик (Eran Elhaik) из университета Шеффилда (Великобритания)“... Оригинальный текст статьи [по этой ссылке](#). Вы не могли бы прокомментировать статью?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[24.04.2016 в 02:07](#)

Уважаемый «Сергец», статья интересная, но я это дело отложу. Она пока не заслуживает, чтобы менять приоритеты, например, откладывать сдачу в печать очередной книги. А для того, чтобы с этой статьей по-настоящему разобраться, нужна как минимум неделя, далее надо написать статью об этом на Переформат, чтобы сделать показательный «разбор полетов». Читайте, еще неделя. А комментировать на ходу такой непростой материал, тем более что Эран действительно мой приятель, и потому надо с ним мои замечания (если таковые будут)

согласовать, мне бы не хотелось. Надо всё выверить даже для беглого комментария.

*И. Рожанский* говорит:

[24.04.2016 в 08:09](#)

В недавно опубликованной на сайте Академии базе данных [IRAKAZ Russian Plain](#) есть 2281 гаплотип евреев-ашкенази длиной 37 маркеров и более, среди которых можно выделить не менее 80 линий, специфических для ашкенази. Каждый может самостоятельно их проанализировать. Там, действительно, есть ветви, которые указывают на Иран как возможное место происхождения. К ним могут относиться, например, G1-M285, G2b-M377, Q1b-Y2200, а возможно, и “левиты” R1a-CTS6. Однако суммарно они охватывают не более 25% от выборки, то есть столько же, сколько одна лишь гаплогруппа E, крайне редко встречающаяся к востоку от Месопотамии. То же самое можно сказать о ветвях гаплогрупп J1 и J2. Например, широко представленные у евреев субклады J2-M67 и J2-L70 практически сходят на нет к востоку от Армянского нагорья.

Если вывод делался на основании геномных расчетов, то кому, как не Эльхаику, знать, насколько в них все зыбко. Фраза “генетики признали идиш славянским языком” вообще звучит анекдотично. Почему бы не спросить о происхождении идиш дантистов или проктологов? У них наверняка тоже имеется свое мнение. От себя могу сказать, что зная немецкий, я без особого труда могу понять, о чем поется в народных еврейских песнях на идише, потому что последний – это фактически диалект немецкого, близкий к южнонемецким говорам. Многочисленные заимствования из славянских языков вовсе не делают его славянским, равно как изобиловавший англицизмами жаргон советских хиппи не являлся разновидностью английского.

Думаю, тут либо журналисты переврали содержание статьи, либо Эльхаик опять погнался за дешевой сенсацией, как в его же статье о кавказской родине евреев-ашкенази.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.04.2016 в 23:31](#)

Согласен с комментарием И.Л. Рожанского, особенно в его первой части. С удовольствием скажу, что его недавняя разработка базы данных по гаплотипам Русской равнины – совершенно замечательный ресурс, в котором более 6 тысяч гаплотипов. Этот ресурс, на мой взгляд, намного более продуктивный по анализу происхождения ветвей евреев-ашкенази (в данном случае), чем генетический анализ, который обычно основан на

критериях «общей похожести», и в котором геномные фрагменты сотен людей, мужчин и женщин (393 человек в обсуждаемой статье, состоящих из евреев европейских, иранских и горных) сваливались в одну кучу, помещались в блендер, перемалывались, и отдавались компьютеру на сортировку, это же сделано с более чем 600 нееврейских геномов, и затем смотрели на сортировки компьютером, что там на что похоже. Как правило, при этом на гаплогруппы не смотрят, да и как там смотреть, когда там мужчины и женщины в одном свальном варианте? Но это общее замечание, я не знаю, как конкретно анализировались эти геномы в обсуждаемой статье, и именно на это мне требуется время, о чем я поделился в предыдущем комментарии.

Но должен защитить статью в том, что там нет «генетики признали идиш славянским языком». Это – опять испорченный телефон, как всегда бывает при журналистском пересказе. Про лингвистику там то, что идиш состоит из «элементов» немецкого и славянских языков, и иврита, плюс добавления «сильного» иранского и «слабого» тюркского субстратов. Одни лингвисты считают, что перекося больше в немецкий язык, другие – что в славянские. И вот авторы решили найти – с помощью генетического анализа – географическое происхождение ашкеназийских евреев, говоривших на идиш. Результат – они показали, что к обобщенному геному ашкенази в наибольшей степени близки геномы греков, романцев (?), иранцев и тюрков, и что географически они наиболее близки к старинным торговым путям, проходящим через северо-восточную Турцию. По сообщению авторов статьи, у тех ашкенази, которые не говорят на идише, утеряны «материнские гаплогруппы», а ашкенази в целом происходят из «славяно-иранской конфедерации», и сам термин «ашкенази» означает «скифы». И дальше авторы пишут – «Это согласуется с лингвистическими предположениями, что идиш – это славянский язык, сформированный еврейскими торговцами ирано-тюрко-славянского происхождения, которые путешествовали по Великому шелковому пути, и создали этот язык для своих торговых переговоров, чтобы другие не понимали. Уже потом, в 9-м веке, идиш претерпел адаптацию к немецкому языку за счет сокращения славянизмов.

*И. Рожанский* говорит:

[26.04.2016 в 07:50](#)

>> ...*другие – что в славянские...*

Правильнее сказать – “другой”. Это соавтор статьи Paul Wexler, который в единственном числе представляет лингвистов, считающих идиш славянским по происхождению языком. Оспаривать его точку зрения не буду, но некоторые методы, использованные в публикации, вызывают удивление. По какому, например, принципу делили ашкенази на

говорящих и не говорящих на идиш? Сейчас на этом языке вообще мало кто говорит. Большинство современных ашкенази, в лучшем случае, знает какое-то количество слов, выражений и поговорок на идиш, но свободно им владеют по преимуществу пожилые люди. Если носителей языка делили по такому принципу, то всему последующему анализу грош цена.

В уже упоминавшемся списке из более чем 2000 еврейских гаплотипов все до единого принадлежат людям, прямые предки говорили на идиш, причем для многих он был единственным языком, которым они владели. Так вот, в этом списке аутентичных носителей идиш, ветви, что могли бы восходить к славянским или тюркским народам, попадаются крайне редко. Навскидку можно назвать “динарскую” I2-CTS10822 да еще R1a-L1029>YP1013. Обе очень малочисленны и допускают варианты попадания в еврейскую среду от других, не славянских народов. При этом только в таких специфических для Западной Европы ветвях, как I2a2-M223 и R1b-U152, в общей сложности набирается более 10 ашкеназийских линий. Есть и совсем уж однозначная метка из Испании – “берберский” субклад E-M183, также присутствующий в этом списке. Каким образом мог получиться подобный перекосяк при той схеме этногенеза, что предлагают авторы? Разумеется, эти минорные линии полностью растворились в массе, прошедшей через “блендер”, и концов уже не найти. С другой стороны, поиск корней каких-то линий в Анатолии выглядит вполне здраво, вот только маршруты тех людей были другими.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.04.2016 в 23:14](#)

>> *...некоторые методы, использованные в публикации, вызывают удивление. По какому, например, принципу делили ашкенази на говорящих и не говорящих на идиш?*

Согласен. Это деление и мне представляется искусственным, поскольку это «сейчас говорящих и не говорящих на идиш». Когда евреи массово жили в Одессе и в местечках на Украине, в Белоруссии, Латвии, Литве, России, в Польше, Германии они практически все говорили на идиш. Если бы фильм «Однажды в Одессе» решили сделать максимально близким к реальности, то там почти все действующие герои, начиная с М.Я. Винницкого, говорили бы друг с другом на идиш. А потом, после разезда евреев в США, Канаду, Бразилию и другие страны Южной Америки, Европу, Австралию, Афганистан, Индию, Израиль надобность в «своем», объединяющем языке отпала, причем отпала в зависимости от окружающих условий, от того, насколько тесно и изолировано живут носители в новой среде и, соответственно, насколько долго они чувствуют целесообразность сохранения языка общения. Один-два

поколения – и эта необходимость уходит. Иначе говоря, авторы фактически поставили задачу выяснить происхождение наиболее упорных жителей современного «гетто» (кстати, и в Бостоне сейчас такие есть, населенные пожилыми евреями из недавней России, живущими на социальные пособия и практически не владеющими английским языком, но они говорят по-русски, хотя есть те, которые еще помнят песни детства на идиш) в отличие от тех, кто живут вне гетто.

По аналогии в смысле постановки задачи, можно было бы методами «геномной популяционной генетики» решать вопрос происхождения любителей нелитературных оборотов в современном российском обществе, и будьте уверены, что компьютер определил их в определенную географическую точку. А что компьютеру делать? Других вариантов нет, кроме как задымиться и сгореть. Видимо, от стыда.

Поэтому когда я написал, что мне требуется время на то, чтобы разобраться в построениях авторов, я имел в виду, как авторы при такой размытой постановке задачи ее решали, какими конкретными методами. Какие вводили условия, ограничения, как «фильтровали данные».

*И. Рожанский* говорит:

[27.04.2016 в 03:02](#)

>> *Один-два поколения – и эта необходимость уходит.*

В моем любимом романе “Блуждающие звезды” Шолома Алейхема есть зарисовка о жизни в еврейском местечке где-то в Молдавии, где говорится, как молодые люди из этого местечка, желая произвести впечатление на девушек, говорили между собой исключительно по-русски. Получалось очень комично, но своего они добивались. И это начало XX века. В семье самого классика еврейской литературы основным языком был русский, и в начале своей писательской карьеры он стоял перед выбором, на каком языке писать. Решил он по-другому, может быть, мы бы сейчас гордились классиком русской литературы Ш. Рабиновичем (его настоящая фамилия), наравне с Б. Пастернаком и И. Бабелем.

Неужели авторы статьи не были в курсе о таких историях? Или они поступили по принципу “цель оправдывает средства”?

*Вячеслав* говорит:

[26.04.2016 в 02:41](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Не могли бы Вы объяснить, кто такой “денисов человек”, найденный на Алтае, и “алтайская принцесса” из

урочища Укок с точки зрения науки, а то википедию читать страшно, там балановские рисуют, как “денисов человек” дошел до своей пещеры из Африки...

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.04.2016 в 07:55](#)

>> ...кто такой “денисов человек”, найденный на Алтае...

Предлагаю пару месяцев потерпеть, в июне должна выйти многоцветная книга «Ваша ДНК-генеалогия», в которой целый раздел посвящен денисовскому человеку, с описаниями и расчетами общих предков его и неандертальца, его и современного человека, и так далее. Там же – целый раздел про древних приматов, про теорию Дарвина, и тоже с иллюстрациями по геному. Там же – отдельный раздел про неандертальцев. Там же – про все гаплогруппы мира. Считайте это анонсом.

>> ...википедию читать страшно, там балановские рисуют, как “денисов человек” дошел до своей пещеры из Африки...

Ну а что Вы хотели? Балановский он и в Африке Балановский.

>> ...и “алтайская принцесса” из урочища Укок с точки зрения науки...

Если коротко, то она из пазырыкской культуры середины I тыс. Прошлого тысячелетия, что вскоре после того станет «культурой скифского круга». Ископаемые мтДНК там есть и «европейские», и «азиатские». Она, видимо, «европейская», это – потомки ариев, которые не ушли в Индию и Иран, и стали скифами.

[Георгий Максименко](#) говорит:

[27.04.2016 в 12:50](#)

“Принцесса Укока” оказалась на самом деле “принцем”, хотя на выводы Анатолия Алексеевича это никак не влияет, только лишний раз показывает, насколько важно для достоверности фактов палеотестирование. “Однако в результате анализа ДНК из костных останков, проведенного новосибирскими исследователями (ИЦИГ СО РАН, ИАЭТ СО РАН, Новосибирский государственный университет), мужественная девушка с серьезным набором вооружения превратилась... в юношу с тонкой косичкой и амулетами женской плодовитости – найденными рядом с ним раковинами каури, служившими, очевидно, украшением ремня. Новые данные дали повод пересмотреть и возможные родственные отношения погребенных – ранее это парное погребение



зрелого мужчины и молодой женщины рассматривалось как погребение супругов, либо отца и дочери. Подробности этих исследований – в декабрьском выпуске журнала «НАУКА из первых рук», посвященном археологии”, [ссылка](#).

*И. Рожанский* говорит:

[27.04.2016 в 16:22](#)

>> “Принцесса Укока” оказалась на самом деле “принцем”...

Это журналисты в очередной раз все напутали. Мумия, известная как “принцесса Укок”, принадлежит женщине, а в заметке речь шла о другом захоронении из того же места, не в столь хорошей сохранности. Там с определением пола подростка, действительно, поначалу были проблемы, пока не проанализировали его ДНК. Вот ссылка на [резюме оригинальной статьи](#). К сожалению, полный текст статьи найти не удалось, а потому неизвестно, какие гаплотипы определили у двоих захороненных пазырыкцев.

*Георгий Максименко* говорит:

[28.04.2016 в 01:24](#)

Что можно сказать по данному поводу? Всё надо перепроверять. Ошибка пошла гулять по Интернету благодаря в том числе доверию к журналу “Наука из первых рук”. Всё же главный редактор этого издания не дилетант в науке, человек с большим научным стажем, российский учёный-геолог, академик РАН, доктор геолого-минералогических наук, бывший вице-президент РАН, член Президиума РАН и бывший член Бюро Президиума РАН. Судя по ссылкам, там действительно автор (неизвестен, т.к. информация прошла в разделе “новости”) перепутал археологические объекты и одни могильники на плато Укок перепутали с другими. Бывает.

*Вячеслав* говорит:

[26.04.2016 в 19:10](#)

Большое спасибо, Анатолий Алексеевич! Будем ждать книгу.

*Сергей* говорит:

[27.04.2016 в 13:45](#)

Спасибо за анонс, уважаемый Анатолий Алексеевич! Присоединяюсь к Вячеславу, действительно, этой темой многие интересуются, ждем книгу.

А пока начал читать потрясающую книгу А.А. Клёсова “Кому мешает ДНК-генеалогия”, которую посчастливилось получить членам и кандидатам в члены Академии ДНК-генеалогии, а также тем, кто приобрёл её через Интернет-магазин, как непосредственный участник некоторых событий подтверждаю каждое слово по поводу недоброжелателей, всё так и было, далее еще интереснее, отличная книга!

*Инна* говорит:

[27.04.2016 в 04:34](#)

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич и Игорь Львович. Вопрос такой. Есть у вас в ближайших планах исследование японской и тибетской гаплогруппы D? Уж очень интересна ее история. Гаплогруппа, безусловно, древняя, но ее распространение по территории очень странное. Как получилось так, что она выжила в таком количестве лишь на японских островах и в горах Тибета? Есть ли у нее миграционный след? Есть ли возможность получать днк-материалы “в полях”? Материал по японским гаплогруппам в Вестнике – я читала. Хотелось бы еще каких-то подробностей) Спасибо.

*И. Рожанский* говорит:

[27.04.2016 в 20:05](#)

Уважаемая Инна, за данными по ДНК японцев я слежу постоянно, но пока в ближайших планах детальной работы с ними нет. То, что выложено на [гаплогруппе Азии](#) в генерализованной форме, можно считать самыми свежими сведениями. Гаплогруппа D, на мой взгляд, таит еще много сюрпризов, которые могут появиться, когда дело дойдет до палео-ДНК из Азии. Судя по тому, с какой скоростью исследования ДНК в Китае нагоняют наработки европейцев, ждать осталось недолго.

Пока же данные слишком фрагментарны, чтобы вести речь о каких-либо подробностях. Счет гаплогруппам из Восточной и Юго-Восточной Азии в формате 23 и более маркеров идет уже на тысячи, но большинство из них не проверялось на снипы. Как только такие данные станут доступны, можно будет говорить о материалах “в полях”. Пока же ни один предиктор не в силах распознать эту гаплогруппу, за исключением уже известных ветвей.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[27.04.2016 в 22:16](#)

Уважаемая Инна, Игорь Львович свои соображения дал, я добавлю то, что это не только японская и тибетская гаплогруппа, если судить по ее перемещениям. Хотя она действительно практически не встречается в Российской Федерации, на Кавказе и в Средней Азии, но она встречается в Японии (треть от мужской популяции), на Филиппинах, в Китае, в Тибете (половина от мужской популяции). Например, в Афганистане среди выявленных 1023 гаплотипов – ни одного из гаплогруппы D. В [«Проекте гаплогруппы D»](#) есть всего 40 человек (по состоянию на апрель 2016 года) с показанными регионами жизни предков, из них 20 японцев, один кореец, пять казахов, один русский, четыре китайца и три филиппинца. Еще недавно там был один ногаец, один монгол и один крымский татарин, но их сняли.

Расчет по снипам показал, что гаплогруппа D образовалась примерно 63500 лет назад, то есть опять при выходе из бутылочного горлышка людей, переживших, видимо, глобальную катастрофу 64000±6000 лет назад, что здесь не так давно обсуждалось.

*Сергей* говорит:

[30.04.2016 в 01:50](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, в своей книге “Кому мешает ДНК-генеалогия” на стр. 48-49 Вы пишете: *“Для расчетов на времена удаленные, как правило, более 5-10 тысяч лет назад, и тем более на 100-200 тысяч лет назад, когда число снип-мутаций исчисляется многими сотнями, расчеты по снипам действительно могут оказаться полезными, но вводимые постулаты, как равенство датировок для «параллельных» снипов, опять сводит эту пользу к нулю, если не к отрицательным величинам. Так что да, я весьма критически отношусь к расчетам датировок по снипам, если они не подтверждены перекрестными расчетами с использованием других методов, например, по мутациям в гаплотипах...”*.

В свою очередь, это отчасти подтверждает и Игорь Львович Рожанский, отчасти потому, что он несколько более категоричен в сравнительной оценке двух методов. Так, на мой вопрос “А по гаплотипам не точнее?” относительно утверждаемого им, со ссылкой на YFull, возраста гаплогруппы R1a в 18 тыс. лет он ответил: [“Точнее при датировках 5000 лет и менее. В интервале между 5000 и 10000 лет погрешности сопоставимы, а далее снипы дают более надежные результаты, при всех оговорках”](#).

Насколько справедливо это утверждение? Как вообще оценивается точность двух методов в сравнении, тем более, что документальной генеалогии возрастом более 5000 и 10000 лет назад, насколько я понимаю, не сохранилось?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.04.2016 в 20:03](#)

Уважаемый «Сергей», Ваш вопрос можно сравнить с известным вопросом «Если кит на слона влезет, то кто кого соберет?». Вопрос обычно ставит в тупик, но профессиональный дискуссионщик тут же спросит – «а это в воде или на земле?». А затем – «а какая глубина воды?». И так далее... Дело в том, что задавать вопрос «что точнее» в общем случае бессмысленно. Что точнее – микроскоп или телескоп? Поэтому человек, искусный в расчетах, понимает, что надо в первую очередь посмотреть на конкретную систему, о которой речь. Сколько в ней гаплотипов, какой протяженности гаплотипы, сколько снп-мутаций в расчетном списке для данного конкретного субклада, в какой временной зоне ожидается общий предок, и так далее. И, что важно, вопрос какого характера задается, в смысле, какая ожидаемая требуемая точность? Например, если один метод дает 217 тысяч лет до общего предка, а другой 260 тысяч лет, это принципиально для получения ответа на вопрос? Что такое «что точнее»?

С этой проблемой хорошо знакомы специалисты по теории надежности. Для космического корабля (или «изделия», как они скажут) нужна точность в шесть девяток, а для утюга, особенно цельночугунного, надежность нужна намного меньше. Но она в последнем случае практически абсолютная, равна единице. Поэтому я всегда отвечаю, когда задают общие вопросы, что нужно проводить конкретный анализ в конкретной ситуации, и понимать, зачем вообще это нужно? Для ответа на какой конкретный вопрос? Потому что задаваемый вопрос обычно подразумевает уровень точности и детализации ответа. Вообще корректно заданный вопрос – это уже половина ответа.

Поэтому перейдем к конкретным примерам. Начнем с расчетов по снпам, поскольку этого многие не понимают. Чтобы далеко не ходить, посмотрим на известные всем R1a и R1b. И сразу станет ясно, что там с точностью далеко от хорошей, но так и должно быть, это же статистические методы. Но проблема в том, что порой сбои выходят далеко за пределы статистики. Откроем сайт YFull, раздел <https://www.yfull.com/tree/R/>. Сразу видим первую проблему – от R1 до R1a дистанция в 101 снп, а от R1 до R1b дистанция в 45 снпов. И тем не менее тут же записано, что и R1a и R1b образованы 22800 лет назад, обе гаплогруппы. То есть постулировано одновременное образование «параллельных» субкладов. Уже можно начинать входить в некоторый ступор, как такое может быть. Расстояние-то от R1b получается одинаковым, а число снпов разное. И на каждый – 144 года, не считая мелочей на поправки, например, прибавление к каждой датировке 60 лет, потому что по соображениям YFull, средний возраст тестируемых – 60 лет. Это уже причина для второго ступора, зачем эта мелочевка, сама по себе неверная, но прибавлять 60 лет к 22 тысячам – это уже не

смешно.

Продолжаем обращать внимание дальше. Оказывается, постулируемые (получается, что так) 22800 лет – это для образования R1a и R1b, но есть и другие числа – это для времени жизни общего предка (TMRCA) R1a и R1b. Это уже причина для третьего ступора – если считать по снипам, то это должны быть идентичные понятия, поскольку при прохождении бутылочного горлышка время жизни общего предка смещается к горлышку, но снипы-то у него сохраняются хоть до общего предка с шимпанзе. Хорошо, смотрим, что за TMRCA. Для этого YFull взяли (в данном случае) по сто человек R1a и R1b, и посчитали, сколько снипов у них в среднем образовалось от соответствующей снип-мутации R1a или R1b до настоящего времени. Вообще-то говоря это должно совпадать со временем образования соответствующей снип-мутации, поэтому зачем эта TMRCA? Но, выходит, не совпадает, а причину коллектив YFull не поясняет.

Хорошо, посмотрим на это число снипов. Кликаем на белый квадратик у гаплогруппы R1b с надписью info, дверка открывается. Там перечислена вся сотня чисел снипов у R1a и R1b, в двух сериях колонок. В одной – снипы как их наблюдают у конкретных людей, но поскольку каждый раз размер фрагмента Y-хромосомы разный, то каждый раз пересчитывают на принятый стандартный размер 8.47 миллионов нуклеотидов. И усредняют по всей сотне тестируемых. В итоге по всей сотне в среднем для R1a получилось 170 снип-мутаций до настоящего времени, а для R1b – 145 снип-мутаций. Оказывается, R1a постарше будет, чем R1b, но это никак не отражено в тех 22800 годах, что на главной странице. Смотрим на разбросы этих снип-мутаций, это же усредненная статистика. Видим, что эта средняя величина в 170 снипов гуляет от 148 до 187 снипов, то есть в диапазоне 39%, это у R1a. У R1b средняя величина в 145 снипов гуляет от 127 до 164 снипов, то есть в диапазоне 29%. Это – нормально, но просто надо понимать, когда задается вопрос «что точнее». Видно, что и по всему диапазону R1a старше, чем R1b, пусть и с разбросом.

Теперь умножаем 170 и 145 снип-мутаций на 144 (лет на снип), получаем для R1a 24480 лет, для R1b 20880 лет до «общего предка» по снипам. Правда, у YFull там, в том же окошке, стоит соответственно 24659 и 21025 лет, соответственно, то есть на 179 и 145 лет больше, ну да ладно. Набежало за счет того, что по сусекам. Но даже если привести погрешности, то все равно сдвиг есть, и получается, что гаплогруппа R1a образовалась примерно на 3600 лет раньше, чем R1b. Это неточно, но принципиально важно. Потому что тогда отпадают все разговоры, что R1a и R1b образовались в одно и то же время, и, видимо, тогда в одном и том же месте, и значит должны говорить на одном и том же языке. А получается, что разница – как удвоенное расстояние от нас до древнего Рима.

И вот таких иллюстраций по расчетам по снипам можно приводить сколько угодно, сотнями. С принципами расчетов по гаплотипам все в целом знакомо, можно не объяснять. Так вот, часто по гаплотипам и снипам получаются совпадающие данные, часто данные на сотни лет разнятся, но сказать «что точнее» обычно нельзя. Поскольку расчетов по снипам благодаря коллективу YFull уже намного больше, я обычно привожу данные по снипам, если только они явно не выпадают, и сопоставляю с расчетами по гаплотипам, особенно когда рассчитано по сотням, а то и по тысячам протяженных гаплотипов, и при симметричном дереве, и расчеты логарифмическим методом совпадают с линейным, как и с расчетом по калькулятору ККК, да еще по разным панелям маркеров.

Иногда разница очень заметна, например, для гаплогруппы ВТ по гаплотипам получается, что общий предок жил примерно 64 тысячи лет назад, и это согласуется со всеми гаплотипами от В до Т (и это явно после прохождения бутылочного горлышка популяции), а по снипам для ВТ опять получается чехарда – время образования 130700 лет назад, TMRCA 88000 лет назад, от вышестоящей A1b гаплогруппа ВТ отстоит на 407 снипов, а параллельная ей A1b1 – на 39 снипов. Сотня человек, носителей ВТ, отстоят от нашего времени по снипам в среднем на 921 снип, что дает 133092 лет, но это должно быть равно TMRCA, а оно – 88000 лет, см. выше. Что хотите, то и выбирайте.

Поэтому ответа на вопрос «что точнее, снипы или мутации в гаплотипах» нет, надо сопоставлять в каждом конкретном случае, и анализировать ситуацию. Так что я бы не стал придерживаться (опять) «общего» положения «...а далее (больше 10 тысяч лет) снипы дают более надежные результаты, при всех оговорках». Это просто неверно. Самый древний снип, A00, дает время жизни общего предка по снипам 235900 лет назад (<https://www.yfull.com/tree/A00/>), хотя расстояние от нашего времени от зарождения A00 равно 2509 снипов, то есть  $2509 \times 144 = 361296$  лет. Почему YFull при этом выбрали 235900 лет назад – загадка, но у них, видимо, были свои соображения. Расчет по медленной панели гаплотипов дает примерно 217000 лет назад. Думаю, что в такой ситуации в научных работах нужно приводить те и другие результаты расчетов, или показывая, что они совпадают, или по возможности объясняя, почему они различаются. Тогда будет толк.

Сергей говорит:

[30.04.2016 в 21:08](#)

Спасибо за подробное разъяснение, в целом понятно.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:



[01.05.2016 в 05:06](#)

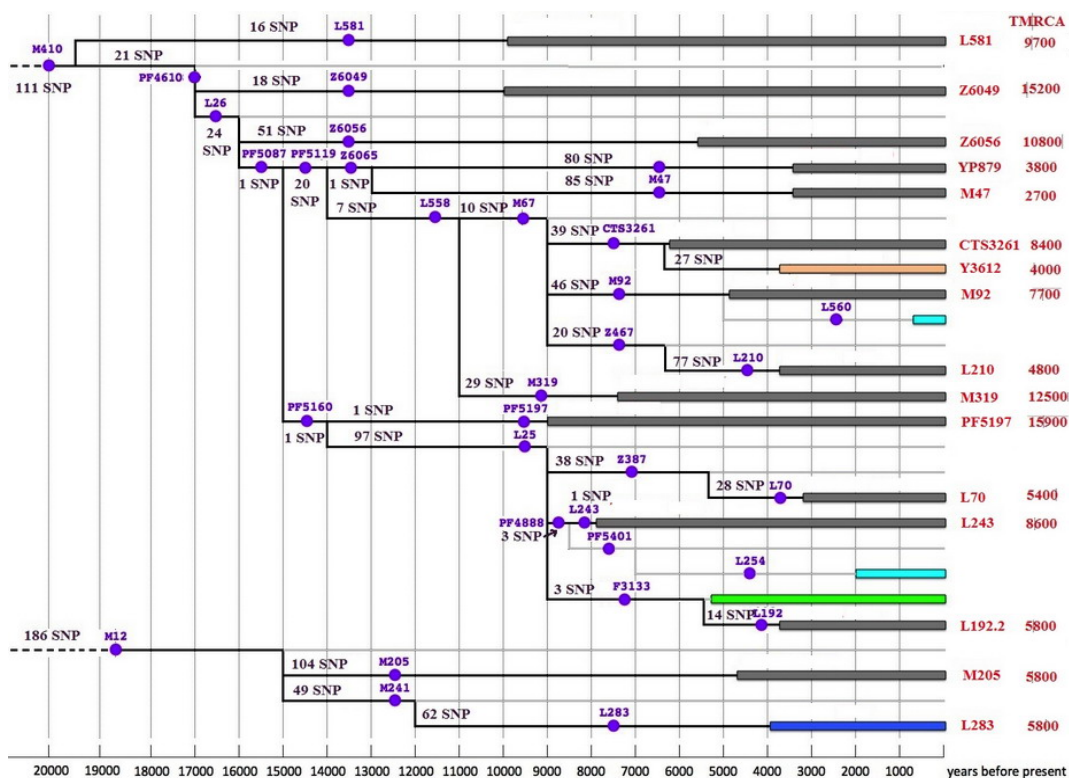
Именно так, в целом. Потому что в каждом конкретном случае это, по сути, отдельное научное исследование.

*И. Рожанский* говорит:

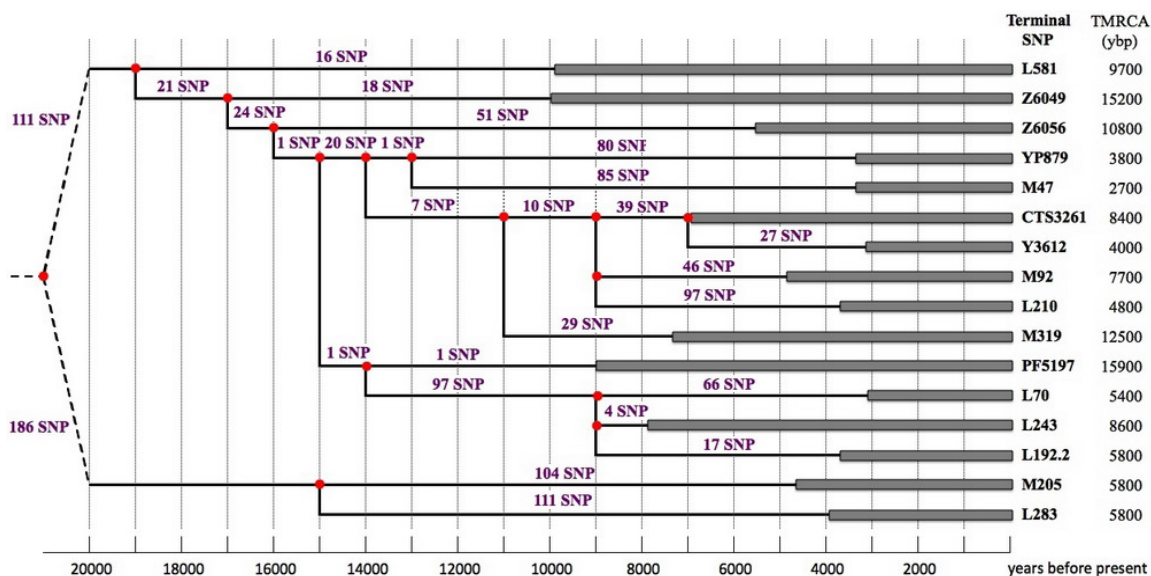
[01.05.2016 в 06:54](#)

Позволю себе предложить здесь такое исследование, что пока было опубликовано только в частной переписке.

В январе этого года закончил работу по состыковке снипов и датировок из YFull. Использовал дерево гаплогруппы J2, с которым работал при подготовке статьи о шумерах (иллюстрация кликабельна).



На схеме выделены субклады, по которым в дереве YFull имеются более-менее надежные оценки их TMRCA, и приведено количество снипов, разделяющих узлы. После удаления ветвей, по которым нет данных, дерево в финальной форме выглядит так (иллюстрация кликабельна):



Серые прямоугольники соответствуют датировкам, которые я считал по STR в 67-маркерном формате, а в колонке справа – соответствующая оценка, сделанная по снипам. Как уже отметил Анатолий Алексеевич, в этой схеме налицо сильные перекосы. Особенно выделяется ветвь L581, в которой явно недосчитали снипов, и блок J2a1h2 (L70, L243, L192.2), где их перебор.

Следующим этапом стала оценка того, какая скорость мутации была заложена при составлении дерева гаплогруппы J2. Для этого составил дистанционную матрицу для 16 субкладов со схемы, в которой каждый элемент рассчитывался по формуле

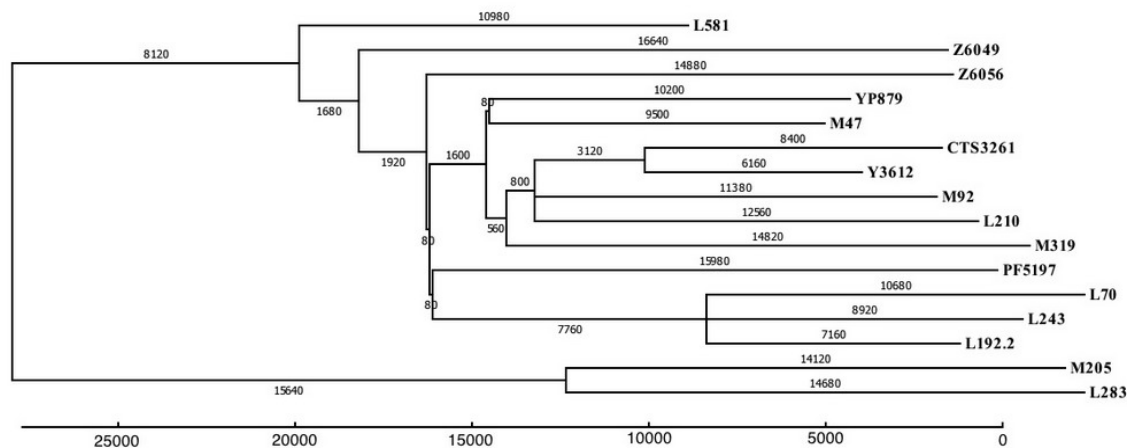
$$t(ij) = t(i) + t(j) + n(ij) \cdot x, \text{ если } i \neq j; t(ij) = 0, \text{ если } i = j$$

где  $t(i)$ ,  $t(j)$  – TMRCAs соответствующих субкладов,  $n(ij)$  – дистанция между ними в снипах, рассчитанная из приведенной схемы, а  $x$  – искомая скорость мутации в годах на снип.

Методом подбора довольно быстро выяснилось, что схеме с датировками, проставленными на второй иллюстрации, соответствует скорость 80 (!) лет на снип, что почти в 2 раза меньше заявленных 144 лет. Никакой ошибки тут быть не может, потому что в противном случае общий предок J2a и J2b датировался бы временем  $45000 \pm 2700$  лет назад, как можно рассчитать при усреднении блока матрицы из 28 элементов, с дистанциями от субкладов M205 и L283 до 14-ти ветвей J2a. Если подставить 80 лет, то мы имеем  $28000 \pm 1400$  лет до предка, как и указано в таблице YFull, а также на гаплогруппном проекте Криса Ротенштайна. Почему была принята такая скорость мутации и почему это никак не анонсировалось, вопрос к составителю дерева. Если исходить из сравнения с датировками по базовым гаплотипам в медленном 22-

маркерном формате, то скорость 80 лет на снип неплохо с ними согласуется.

Наконец, постарался построить дерево гаплогруппы J2, используя оптимизированную дистанционную матрицу, чтобы выяснить, какие погрешности присущи расчетам по снипам в формате YFull. Как оказалось, перекося в количестве снипов между узлами оказался настолько большим, что алгоритмы UPGMA и Kitsch, выравнивающие ветви под современность и автоматически определяющие корень дерева, дали неверную топологию. Алгоритм Fitch-Margoliash, в котором процедура выравнивания и определения корня отсутствует, расположил ветви в строгом соответствии с SNP-филогенией, но с большим разбросом в длине ветвей, как можно видеть на этой схеме (иллюстрация кликабельна):



Очевидно, этот разброс и можно использовать как меру того, какие погрешности присущи расчетам датировок по снипам. Сильно выпадающую ветвь L581, которая представлена всего двумя участником, сделавшим анализ YFull, видимо, следует исключить из-за недостатка данных. Для остальных ветвей погрешности можно рассчитать как стандартное отклонение от средней дистанции от общего предка гаплогрупп J2a и J2b в выборке из 15-ти оставшихся субкладов. Подстановка датировок из дерева дает  $27000 \pm 2300$  лет, то есть погрешность 9% на этом масштабе времен. Точность более чем приличная, но она постепенно снижается по мере уменьшения датировок. Общий предок гаплогруппы J2a(xM581) определяется с погрешностью 12% ( $16800 \pm 2100$  лет), а субклада J2a1b-M67 – 11% ( $12800 \pm 1400$  лет). При датировках менее 5000 лет расчет по снипам дает уже погрешности около 30%, что разбирал уже ранее в дискуссии на Переформате.

Вывод. Датировки по снипам на масштабе времен более 10000 лет выглядят надежными, но остается открытым вопрос, почему в разных

гаплогруппах получают столь различающиеся скорости мутаций. Или надо перепроверять все гаплогруппы на предмет того, не произошла ли замена прежней константы со 144 на 80-90 лет на снип? Так что, уважаемый Сергец, если я делаю какие-то заявления по датировкам, то они не берутся с потолка, а им предшествует анализ экспериментальных данных и модельные расчеты.

*Сергец* говорит:

[01.05.2016 в 11:14](#)

*>> ...если я делаю какие-то заявления по датировкам, то они не берутся с потолка, а им предшествует анализ экспериментальных данных и модельные расчеты.*

Да, уважаемый Игорь Львович, в этом никто, думаю, не сомневается, мой вопрос Анатолию Алексеевичу прежде всего заключался в том, **как** можно оценить точность в сравнении, Вы прекрасно дополнили ответ, большое спасибо!

*Сергец* говорит:

[01.05.2016 в 01:40](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, вопрос следующий. В Nature Genetics вышла статья коллектива авторов, один из которых Chris Tyler-Smith, в ней утверждается, что “половина западноевропейских мужчин оказались потомками одного человека”, [ссылка](#), а также, что “больше всего исследователей поразили частые эпизоды взрывообразного роста мужского населения. Первый раз такие явления были отмечены 50-55 тысяч лет назад в Азии и Европе и 15 тысяч лет назад в Америке”. Есть ли подтверждения или опровержения этой информации в ДНК-генеалогии?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[01.05.2016 в 08:21](#)

*>> В Nature Genetics вышла статья коллектива авторов... в ней утверждается, что “половина западноевропейских мужчин оказались потомками одного человека”...*

Эта статья мне известна, но, похоже, Вы (как и многие другие) стали жертвой мистификации. В статье об этом я ничего не нашел. Но я заметил, что масса популярных изданий, в том числе и то, на которое Вы дали ссылку, списывают это друг у друга. Похоже, что кто-то, рассматривая рисунки в статье, так интерпретировал. В любом случае,

общий предок, который жил 4000 лет назад, не смог бы быть общим предком половины современных западноевропейских мужчин, то есть практически всех носителей гаплогруппы R1b. Дело в том, что еще примерно 4500 лет назад субклад R1b-L151/L11 разошелся на две основные ветви – R312 и U106 (есть и третья, им параллельная, DF100, но она небольшая), первый включает 300 субкладов, второй – 540 субкладов. Так что тот общий предок, который жил 4000 лет назад, в лучшем случае может быть предком четверти западноевропейцев, а скорее всего меньше. Но концептуально, так сказать, в этом нет ничего необычного. Как видите, число потомков и в этом случае астрономическое, а если авторы (слухов или статьи) ошиблись с датировкой, и на самом деле общий предок жил 5000 лет назад, или 5500 лет назад, и имел субклад R1b-L151, то он действительно мог бы оказаться предком половины западноевропейцев.

Только что здесь удивительного? Потомки общего предка субклада N1c1 охватывают три четверти финнов и половину литовцев, латышей и эстонцев. Потомки общего предка R1a-Z280 охватывают половину славян, а потомки общего предка R1a-M458 включают примерно 20% этнических русских, украинцев и белорусов, плюс множество центрально-европейцев. А если опуститься на 64 тысячи лет назад, то тогда жил общий предок всех неафриканцев на планете, включая австралийских аборигенов, а также жителей Азии, обеих Америк и большинства жителей Африки. И совсем необязательно, что он был королём, как и первый носитель R1b-L151. Новые мутации проскакивают совсем необязательно у королей, это случайные явления.

*>> больше всего исследователей поразили частые эпизоды взрывообразного роста мужского населения.*

Они просто незнакомы с ДНК-генеалогией. Я давно и многократно писал, что эволюция популяции, особенно на ранних стадиях, часто имеет вид сосисок с перетяжками. Это – бутылочные горлышки популяции. После каждого прохождения горлышка – опять увеличение числа популяции. То, что авторы написали про 50-55 тысяч лет назад «в Азии и Европе» – это  $64 \pm 6$  тысяч лет назад, время прохождения бутылочного горлышка у неафриканцев. Просто авторы статьи произвольно брали 30 лет на поколение, никак это не обосновывая. Поэтому, если ввести поправку на разницу между 30 и 25 лет на поколение, вместо 50-55 тысяч лет окажется 60-66 тысяч лет назад, что практически равно  $64 \pm 6$  тысяч лет, что мы здесь многократно обсуждали. И с 15 тыс. лет в Америке для субклада Q-M3 никакой новизны нет – это же число приводится на сайте YFull для образования этого субклада, и я еще в 2009 году в журнале J.Genet. Geneal. приводил расчеты для Q-M3, получив  $16 \pm 3$  тысяч лет до общего предка америндов этой гаплогруппы.

Вообще в этой статье наверняка есть что-то новое, но что касается области интересов ДНК-генеалогии – то они во многом повторяют зады. На самом большом рисунке статьи, рис. 2, они просто воспроизводят известное филогенетическое дерево гаплогрупп и субкладов, на котором из R1a есть только сипы M417, Z282 и Z93, из N – только M23, из I – только M170, M253 и M438. Стоило было приводить? Хотя датировку для образования A00 они определили неплохо, 190000 лет назад, но это тоже давно уже не новизна. В нашей статье с американскими генетиками двухлетней давности это 209000 лет, ссылки, конечно, нет. По гаплотипам получается примерно 220000 лет. С константой скорости мутации в гаплотипах они ошиблись, дали «среднюю величину 0.00039 мутаций на поколение», и, предположив, что поколение в 30 лет, получили 0.000013 мутаций в год. На самом деле эта величина зависит от того, какие гаплотипы берутся (но это уже слишком сложно для погнетиков), и для 12-маркерного гаплотипа, например, это в среднем  $0.02/12 = 0.00166$  мутаций на поколение в 25 лет, или 0.000666 мутаций в год, то есть у них занижение в 5 раз. Удивительно, как быстро забыли про «константу Животовского», как будто ее и не было. Как я и предсказывал – забудут, и объяснений не будет, как же так получилось...

Я пытался найти в статье что-нибудь, что было бы интересно для нашей аудитории и для меня, но пока ничего не нашел. Как обычно, статья пестрит используемыми программами для расчетов, но когда это не дает чего-то нового, то это уже неинтересно.

Сергей говорит:

[01.05.2016 в 22:58](#)

*>> Эта статья мне известна, но, похоже, Вы (как и многие другие) стали жертвой мистификации. В статье об этом я ничего не нашел. Но я заметил, что масса популярных изданий, в том числе и то, на которое Вы дали ссылку, списывают это друг у друга...*

Наверное, так и есть, но у подписчиков группы [“ДНК-генеалогия как историческая наука”](#) есть одно преимущество, у нас есть Вы, а новость - почему бы и не опубликовать, главное дать ей соответствующую оценку.  
*>> Удивительно, как быстро забыли про «константу Животовского», как будто ее и не было. Как я и предсказывал – забудут, и объяснений не будет, как же так получилось...*

Да, так и есть, заматают под ковёр, а куда теперь деть массу статей за более чем 10 лет? На них же гранты выдавались, получается на эти деньги людей дурачили. А помню, как они ревностно себя и Животовского защищали и нападали на ДНК-генеалогия – погнетика.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:



[02.05.2016 в 21:53](#)

Да, это показательный пример для «психологов науки», как отсутствие научной школы в популяционной генетике отразилось на эволюции их «науки». На самом деле в любой науке часты заблуждения, вся история науки соткана из заблуждений, но обычно они отражают текущий уровень знаний. Заблуждения часто «честные», типа «ну не смогла я», как та лошадь на ипподроме. В самом деле, ну не смогла она. Но это если забыть, что она перед этим уговаривала на нее поставить, хотя прекрасно знала, что не сможет.

Часто, повторяю, заблуждения «честные», исследователи стараются, сопоставляя отрывочные данные, анализируя альтернативные объяснения, но за неимением проверочных вариантов порой идут по неверному пути. Но как только появляются новые данные, которые показывают, что путь интерпретации был выбран неверный, те же исследователи пересматривают картину. Это – нормальное дело. Но не так было с «константами Животовского», они же «популяционные скорости». Еще в начале 2000-х годов в ходу были расчеты (хотя и очень немного) со скоростями мутации 0.002 мутаций на маркер на поколение. Считали простенько, одна скорость на все гаплотипы, никаких возвратных мутаций, никаких разделений на ветви, но тогда особого и не требовалось.

И вот в 2004 году появляется статья с Животовским в авторах, остальные авторы американские, с кем он раньше вместе работал, и предъявляют «скорость мутации» в три раза меньшую, что автоматически завышает все датировки в три раза. А на самом деле в зависимости от набора гаплотипов (все тогда были короткие) в 2.5-4 раза, конкретно предсказать невозможно. И все популяционисты дружно закричали «ура», наконец-то прорыв в расчетах! Что поразительно, никто вообще не поинтересовался, а что делать с ранними расчетами для 0.002 мутаций на поколение, почему такой резкий сброс до 0.00067, есть ли ограничения на применение последней, есть ли переходная зона между «генеалогической» скоростью и «популяционной», и как считать там?

Затем вышла статья Животовского с соавторами, которые предъявили «калибровку» этой новой «популяционной» скорости. Такой откровенной подгонки, махинаций, жульничества я в науке, честно говоря, никогда не видел. Я об этом неоднократно писал в научной литературе, в том числе в журнале Human Genetics в 2009 году. Но бесполезно, авторы дали вялый ответ, типа что «многие применяют, никто не критикует, значит, всё правильно», и что «ваши предложения представляют интерес, рассмотрим». Ничего, конечно, не рассмотрели. И продолжали публиковать мусор в академической печати. Впечатление у меня было такое, что популяционистам было совершенно неважно, какие

там скорости, какие результаты... Главное, что выходит очередная статья, что рецензенты заодно, что гранты дают. Последнее – самое главное. Вот это и есть полное отсутствие научной школы, полное пренебрежение правилами науки, тотальная коррупция в данном направлении. И последующее поведение Балановских и их «шестерок» типа Запороженко, Веренича, Скаляхо и иже с ними это полностью подтверждают. Результат – вреда этой «науке» было нанесено очень много, статьи неверные по факту и по сути, выводы искаженные, никаких корректировок и отзывов статей не было, и что самое худшее – была создана атмосфера лжи и агрессивности в их части РАН и РАМН, к которой напрямую причастен директор Института общей генетики, член-корр. РАН Н.К. Янковский. Он сам принял личное участие в развертывании вакханалии на конференции в РАН, фактически поощряя лживые выступления своих сотрудников Балановского и Боринской. Он выпросил, сидя в президиуме круглого стола, у меня книжку по ДНК-генеалогии, которую я там же и вручил, но его содержание книги, как оказалось, не интересовало, он наряду со своими сотрудниками искал «компромат». И это при том, что, как сообщает Википедия, *«кандидатура Н.К. Янковского не была поддержана общим собранием сотрудников института (против проголосовали две трети). Несмотря на это, Президиум РАН оставил его на своей должности».*

Вот к чему приводят казалось бы невинные «скорости мутаций», когда нет научной школы, явно нет грамотных обсуждений на научных семинарах, да и семинаров, видимо, тоже нет, иначе эти грубые ошибки были бы тут же обнаружены. Но дальше – больше. Эта же атмосфера, уже на международном уровне, привела к формированию коррумпированного корпуса рецензентов, которые отвергали все статьи, в которых при расчетах не применяли «константы Животовского», далее это расширилось на «популяционную геномную генетику» с появлением статей с десятками соавторов, в которых тоже отсутствует научная школа анализа данных, которая заменена формальной компьютерной эквилибристикой на основе заложенные неверных представлений. Там все те же «предположим продолжительность поколения в 30 лет», когда должна быть объективная калибровка, там гаплогруппы и субклады не принимаются во внимание, там дикие по банальности исходные посылки, что *«древнее население Европы произошло из генетических вкладов охотников-собирателей и фермеров, с добавлением северно-азиатского компонента»*, что в переводе с птичьего языка на нормальной означает, что древнее население Европы произошло от древних людей.

А что с «константой Животовского»? А ничего, ее как бы и не было. Ни слова о ней. То ли у Животовского шубу украли, то ли он украл – уже и не разобраться погнетикам. Стоит добавить, что я бы не писал ничего здесь о Животовском, если бы он выполнил то, о чем мы с ним

практически договорились на той же конференции РАН – написать совместную статью, в которой упорядочить ситуацию с константами скоростей мутаций. Но Животовский после конференции не только дал задний ход, но и подписал лживую «резолюцию круглого стола», в чем сознался в ответ на мой прямой ему вопрос. Правда, признался с пассажами, что он в чем-то там сопротивлялся и что-то вычеркнул. Но итог остался тот же. А профессора, карачаевца, который был главным организатором конференции и занял на ней объективную позицию и не поддержал вакханалию, уволили из РАН. Это тоже результат атмосферы, которая сложилась в популяционной генетике и смежных дисциплинах, а началась все с тех же невинных «констант скоростей Животовского». И позорное «письмо 24-х» – тоже результат той же атмосферы.

*И. Рожанский* говорит:

[03.05.2016 в 09:19](#)

*>> Хотя датировку для образования A00 они определили неплохо, 190000 лет назад, но это тоже давно уже не новизна. В нашей статье с американскими генетиками двухлетней давности это 209000 лет, ссылки, конечно, нет. По гаплотипам получается примерно 220000 лет.*

Наверное, читателей Переформата заинтересует предыстория того, как были получены эти цифры и открыта гаплогруппа A00. Это показательный пример того, как погнетики “снимают сливки” с чужой работы, громогласно выдавая ее за собственное достижение.

Лично для меня она началась в начале 2011 года со сбора материала из открытых баз данных по протяженным гаплотипам из гаплогруппы A, что позволили бы уточнить концепцию “альфа-гаплогруппы”. Наиболее востребованными были 67-маркерные гаплотипы, поскольку по ним можно было рассчитать датировки, используя панель из 22-х медленно мутирующих маркеров, но таких было очень мало, а потому поиск пришлось расширить и на другие форматы, в том числе 37-маркерный и 43-маркерный из еще доступной в то время базы данных SMGF. Помимо уже известных к тому времени ветвей A-M31 и A-M32, на проекте гаплогруппы A оказалось еще 3 афро-американца без снипов, но 37-маркерные гаплотипы которых не вписывались ни в одну из известных тогда ветвей. По своим медленным маркерам (их всего 6 в этом формате) они настолько далеко отходили даже от гаплогруппы A-31 (A1 в нотации 2010 г.) и A-32 (A3b2, соответственно), что это не могло не привлечь внимания.

В самый разгар этой работы в престижном American Journal of Human Genetics в июне 2011 года вышла статья итальянских погнетиков во главе с доцентом (Professore Associato) Римского Ун-та “Сапиенца” Ф.

Кручиани (Fulvio Cruciani) под заголовком “Пересмотр корня филогенетического древа Y-хромосомы человека: африканское происхождение разнообразия мужских линий”, [ссылка](#). В ней сообщалось о находке очень далеко отошедшей от всех остальных линии Y-хромосомы, разошедшейся со всем остальным человечеством около 142 тыс. лет назад, по оценкам авторов. Новая линия (по сути гаплогруппа), получившая тогда обозначение A1b была найдена у нескольких пигмеев бакола из Камеруна. Первой мыслью по прочтении статьи было то, что, возможно, “внесистемные” гаплотипы, обнаруженные на проекте, принадлежат к этой вновь открытой древней линии.

Ожидания оправдались, потому что поиск в базе данных SMGF по маркерам, общим с участниками проектов вывел на две небольшие и довольно молодые (порядка 600 лет до предка) группы из западного Камеруна, которые необычайно далеко расходились как друг с другом, так и со всеми остальными гаплогруппами. В общей сложности набралось 24 гаплотипа, что в несколько раз больше, чем сообщалось в статье Кручиани с соавторами. Результаты исследования вместе с оценками датировок были опубликованы в июле 2011 года в Вестнике Академии ДНК-генеалогии под заголовком “Архаичная (архантропная в терминах антропологии) линия гаплогруппы А”. Очевидно, это первая по времени официальная публикация, в которой сообщается об открытии Y-хромосомных линий, еще более древних, чем незадолго до того охарактеризованная ветвь A1b.

Однако по этим данным оставалось много вопросов, потому что у загадочных ветвей не было ни снипов, ни 67-маркерных гаплотипов, которые бы позволили уточнить их датировки и положение на дереве. Чтобы исследование не завершилось, не успев начаться, я отправил через контактную форму на YSearch пожелания этим участникам сделать апгрейд до 67 маркеров, не жалея красивых слов о значимости этого для всего человечества. Ответа не последовало, но на одного из респондентов, потомка некоего Альберта Перри (думаю, это имя многим теперь знакомо), аргументы, очевидно, подействовали, и спустя какое-то время стал доступен его 67-маркерный гаплотип. Он оказался еще более необычным, чем можно было ожидать из 37- и 43-маркерных гаплотипов представителей этой ветви, и это было уже достаточное основание, чтобы обратиться к администратору проекта гаплогруппы А Бонни Шрак (Bonnie Schrack) с предложением провести более углубленную работу с этими участниками.

Вот цитата из моего первого письма от 26 ноября 2011 года:

*If participants of your project are eager to know more about their deepest ancestry, they can help themselves by testing more SNP and upgrading to 67 or even to 111-marker format. This is especially important for those, who belong to yet unassigned clusters. I would strongly recommend an upgrade from 37 to 67 for Boon (N71150),*

*Jones (N38376) and Gage (181787), and from 12 to 67 for Simms (N100469) and Diedericks (108518). If these participants are not interested in spending more money, it would be a good idea to use the general fund. Their extended haplotypes are of great scientific value, because they help us to calculate the age of actual, not fictional Y-chromosomal Adam and shed light on the history of human migrations from the very beginning.*

*Если участники вашего проекта стремятся узнать больше о самых ранних своих предках, они могут помочь себе, если закажут больше снипов и сделают апгрейд до 67 и даже до 111 маркеров. Это особенно важно для тех, кто принадлежит к еще неопределенным кластерам. Я бы настоятельно рекомендовал сделать апгрейд с 37 до 67 маркеров, и с 12 до 67. Если эти участники не заинтересованы в трате лишних денег, было бы хорошей идеей использовать общий фонд. Их протяженные гаплотипы имеют огромное научное значение, поскольку они помогут нам вычислить время жизни реального, а не фантазийного Y-хромосомного Адама и пролить свет на историю миграций людей с самого начала.*

Представленные мной данные произвели на Бонни Шрак неизгладимое впечатление (как она сама написала в ответе), и начался сбор средств на целенаправленное исследование кандидатов, перечисленных в письме. Подобные анализы стали рутинными с тех пор, как в FTDNA освоили тест на 10 миллионов пар нуклеотидов в формате BigY, но в то время это была фактически ручная работа по определению и анализу намного меньшего набора в 200, потом 400 тысяч пар. Тест назывался Walk Through the Y (прогулка через Y), стоил дороже, занимал намного больше времени и нередко заканчивался безрезультатно. Хочу подчеркнуть, что из кармана налогоплательщиков на эту работу не было потрачено ни цента, все делалось на частные пожертвования.

Первым удалось запустить работу с участником, у которого не нашлось родственников в Африке, и первые же результаты привлекли внимание – по своим снипам он относился к ветви, что разошлась со всеми другими раньше, чем сообщалось в статье Кручиани. Ветвь A1b из итальянской статьи оказалась дочерней к той, что охарактеризовали в FTDNA. Она получила название A0, и впоследствии пополнилась еще несколькими участниками. Необычный гаплотип Перри на фоне этих восторгов оказался немного в тени, и его проверка началась позже, после нескольких напоминаний о том, что от него можно ждать еще большей сенсации.

Дальнейшая история уже многим известна из новостей и информационных порталов. Сотрудник компании FTDNA Томас Кран (Thomas Krahn), ныне президент базирующейся в Берлине компании YSEQ, провел вручную анализ снипов Перри, его коллегам удалось получить доступ к хранившимся в Аризонском Ун-те образцам ДНК людей народности Мбо из западного Камеруна, их сравнили с Перри, и

результатом всего этого стала вышедшая в марте 2013 года в том же АЖНГ сенсационная статья “Афро-американская мужская линия добавляет чрезвычайно глубокий корень филогенетическому древу Y-хромосомы человека”, [ссылка](#).

Лишь на этом, завершающем этапе к работе подключились популяристы. Причем первый блин вышел комом – из-за неуклюжих калибровок датировка “чрезвычайно глубокого корня” оказалась завышена почти на 80 тысяч лет. Ее исправили только после того, как на это в комментарии к статье обратил внимание Анатолий Алексеевич с соавторами. Произошло это довольно оперативно, а потому на этот раз популяристические промахи не имели столь серьезных последствий.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[04.05.2016 в 08:35](#)

Подтверждаю все то, о чем написал Игорь Львович, и добавлю, что в статье в Вестнике Академии ДНК-генеалогии в июле 2011 года было не только сообщено о необычной африканской линии и приведены соответствующие гаплотипы, но и рассчитано время жизни их общего предка примерно 266 тысяч лет назад. Эти же гаплотипы приведены в *Advances in Anthropology* (май 2012). Последующая статья Bonnie Schrack с соавторами, которую процитировал И.Л. Рожанский, и автора которой (Schrack) И.Л. Рожанский проинформировал о необычной линии, дает датировку начала этой линии 338 тысяч лет назад, правда, с доверительным интервалом между 237 и 581 тысяч лет назад (!), но она уже дезавуирована в научной литературе, поскольку авторы применили заниженные константы скоростей снип-мутаций, взятые из аутосом. Пересчет их данных в нашей статье в *Eur. J. Human Genetics* (сентябрь 2014) дал 209 тысяч лет до общего предка. Но вопрос даже не в том, каково «точное» время жизни общего предка гаплогруппы A00, все равно его никто точно не знает, и любая величина между 200 и 300 тысяч лет является вполне приемлемой (YFull дают 235900 лет, и точность опять заставляет пожать плечами), вопрос действительно в этике популяристов. Понятно, что они не читали Вестник, и за это их нельзя упрекать. Они могут сказать, что не читали и *Advances in Anthropology*, хотя я его Бонни Шрак неоднократно цитировал, она статью знает. Но, допустим, не читала, что минус ее профессионализму (хотя в последнем минусов много). Но письмо-то она получала, и с восторгом отвечала. Это – опять в дополнение к облику популяристов.

[Горбановский В.Н.](#) говорит:

[03.05.2016 в 10:29](#)



Тоторкулов Алий Хасанович, президент Фонда содействия развитию карачаево-балкарской молодёжи «Эльбрусоид», не сдаётся, [борется против кривды разномастных чиновников...](#)

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

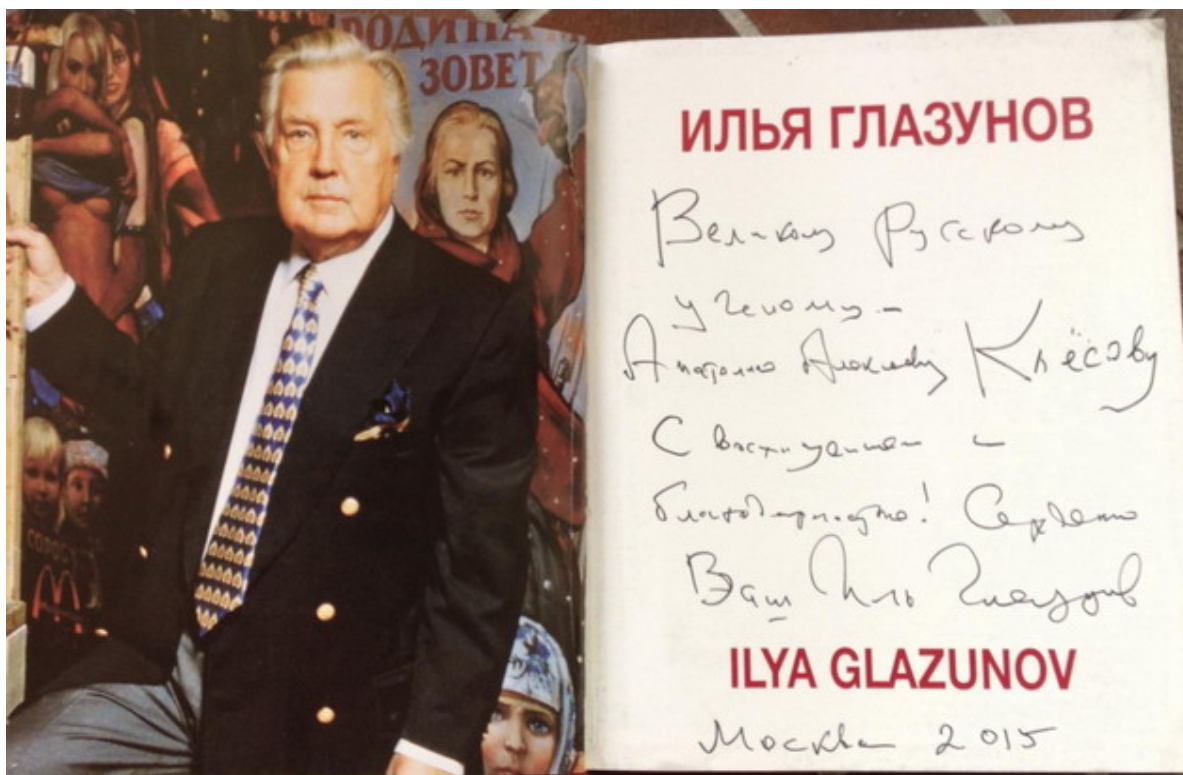
[04.05.2016 в 17:35](#)

Уважаемый Владимир Николаевич, спасибо за сообщение. Остается пожелать Алию Хасановичу доброго здоровья и успехов в его деятельности. Он был одним из главных организаторов конференции РАН по карачаево-балкарцам (ноябрь 2014) и главным спонсором конференции, и дал там сильнейший отпор Балановским, изгнав их с трибуны и из зала, когда они пытались сорвать выступление по ДНК-генеалогии.

[Admin](#) говорит:

[04.05.2016 в 18:06](#)

Тема: от И.С. Глазунова – А.А. Клёсову



Сергей говорит:

[05.05.2016 в 00:53](#)

Действительно, смотрел выступление Ильи Сергеевича Глазунова на канале Россия Культура. Он рассказывал о своей биографии, искусстве, немного о политике в СССР, а также о истории. Надо сказать, что его рассказы и высказывания о русской истории, и истории славян вообще, наполнены духом патриотизма, он действительно искренне переживает за русскую историю, что подпадает под понятие Научный патриотизм, сформулированное Анатолием Алексеевичем Клёсовым.

Олег говорит:

[05.05.2016 в 20:17](#)

**Тема: калькулятор Килина-Клёсова**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, насколько достоверным является калькулятор FTDNATiP™ для расчета времен до общих предков сравниваемых гаплотипов? В чем преимущество калькулятора Килина-Клёсова по сравнению с ним?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.05.2016 в 03:35](#)

Уважаемый Олег, судя по вопросу, Вы даже не посмотрели на тот «калькулятор», который упомянули. К нему не применимо понятие «достоверный» и «преимущество», он базируется на совершенно иных принципах. Если Вы заглянете на описание того «калькулятора» [по линку](#), то увидите следующее: «FTDNA разработала новую программу, которая ведет расчет и показывает кумулятивную вероятность, что два человека имеют общего предка в пределах последних 4, 8, 12, 16, 20, и 24 поколений, что эквивалентно последним 100, 200, 300, 400, 500, и 600 лет, принимая поколение за 25 лет. Программа называется FTDNATiP™. Она использует новые и пока неопубликованные скорости мутаций для конкретных маркеров». И далее идет линк, который должен объяснять, что это такое – «about FTDNATiP™, from the FAQ at <http://www.familytreedna.com/faqtip.html>». К сожалению, линк не работает. Хорошо, возьмем другой, тот, что выше. Вот – суть метода:

First, for all entries that show a 0 for genetic distance, the probabilities are as follows:

**12-markers:**

<b>4</b> generations is 33.57%	<b>8</b> generations is 55.88%	<b>12</b> generations is 70.69%	<b>16</b> generations is 80.53%	<b>20</b> generations is 87.07%	<b>24</b> generations is 91.41%
---	---	--	--	--	--

**25-markers:**

<b>4</b> generations is 61.17%	<b>8</b> generations is 84.92%	<b>12</b> generations is 94.15%	<b>16</b> generations is 97.73%	<b>20</b> generations is 99.12%	<b>24</b> generations is 99.66%
---	---	--	--	--	--

Перевод – если у вас два гаплотипа, которые вообще ничем не различаются, то если это 12-маркерные гаплотипы, то общий предок жил в пределах 4 поколений (до 100 лет назад) с вероятностью 33.57% (*заметьте, точность чисел, у популяризаторов это неустрабимо*), или до 200 лет назад с вероятностью 55.88%, или до 300 лет назад с вероятностью 70.69%, или, наконец, до 600 лет назад с вероятностью 91.41%.

Замечательно, не так ли? Узнаете популяризаторов? На самом деле, если два 12-маркерных гаплотипа полностью совпадают, то ДНК-генеалогия говорит, что можете не беспокоиться, ответа нет, потому что общий предок равновероятен в пределах как минимум до 625 лет назад, и все эти проценты – это хрестоматийная лапша на известном месте. Ну, примерьте эти проценты на себя – скажет ли это вам хоть о чем-то, практически полезном?

Но скоростей мутаций мы так и не увидели. Хорошо, берем первый пример по этому линку слева, это некоторый капитан Томас из Вирджинии и его предполагаемое потомство. Дальше очень много слов, много забавных рассуждений, выясняется, что использовали «скорости Чандлера» 2006 года, но разбили их на «быстрые маркеры» и «медленные маркеры», и для «быстрых» использовали скорость 0.0041 на маркер на поколение, а для «медленных» 0.0013 на маркер на поколение. Так делать, конечно, нельзя, если в гаплотипах есть и те, и другие. Они все складываются, как и в любом вероятностном процессе. Далее мы видим набор из 10 гаплотипов, представляющих смесь коротких и длинных. На первых 12 маркерах в них мутаций вообще нет, 25-маркерных на два гаплотипа меньше, и в них 4 мутации, а 37-маркерных осталось только четыре, и в них еще две мутации.

Как считают в FTDNA, используя их новый калькулятор FTDNATip™? Замечательно считают:

## Number of Generations to Most Recent Common Ancestor

Mutation rate	Number of markers tested	Number of mismatches	Median number of generations	Generations between 95% confidence levels
.0041	25	0	3.4	0.1 to 18.0
.0041	25	1	8.4	1.2 to 27.7
.0041	25	2	13.6	3.1 to 36.8

Представляете? Считают по каждой мутации (называя это mismatch, ну это ладно, хоть горшком), и – посмотрите на последнюю колонку. Там в одном случае число поколений получается от 0.1 до 18.0, во втором между 1.2 и 27.7, в третьем от 3.1 до 36.8. Как видите, о «достоверности» речи вообще нет.

Если все эти 10 гаплотипов ввести в калькулятор Килина-Клёсова, сбросив ограничитель, потому что при столь малом числе мутаций он бесполезен, получится  $379 \pm 270$  лет до общего предка. Больше точности и быть не может при шести мутациях на неровном наборе гаплотипов. Формально получается, что линия того капитана началась в 1637 году, с большой погрешностью. Заглядываем в данные документальной генеалогии по тому же линку – прибыл в США в 1619 году. Неплохо, хотя при такой погрешности радоваться приличному совпадению не стоит. Теперь, думаю, ответы на оба вопроса Вы сами дадите.

*Олег* говорит:

[06.05.2016 в 13:34](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, согласен. По калькулятору FTDNA много вопросов. Это понятно. По поводу этого калькулятора публикаций у самих же популяционных генетиков не очень много, и пока неизвестно насколько вообще его данные коррелируют с документальными генеалогиями. Если вообще коррелируют. Вопросы по калькулятору FTDNAi<sup>TM</sup>, конечно же, есть. Вместе с тем, Ваш калькулятор, как правило, всегда выдает время, которое совпадает с документальными данными. Склоняюсь доверять Вам, а не популяционным генетикам. Тем более, после недавней статьи 2015 года Underhill с 32 соавторами в научном журнале Nature, после которой в дураках остался даже «сам» Клейн, не говоря уже о Балановском и прочих, правильность выводов ДНК-генеалогии становится очевидной.

*Сергец* говорит:

[05.05.2016 в 22:25](#)

### **Тема: заселение Европы**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Опубликована новая работа популяционных генетиков о заселении Европы, которая журналистами характеризуется и описывается так: “Огромный коллектив ученых из США, Европы и России представил самое масштабное на сегодняшний день исследование «истории» Европы периода палеолита – если под историей понимать реальные процессы миграции и перемешивания популяций общеевропейского масштаба”, [ссылка](#). Понимаю, что столь разноплановая публикация – это материал для отдельной статьи, поэтому прокомментируйте, пожалуйста, хотя бы информацию оттуда в отношении эрбин (R1b): “Так, гаплогруппу R1b, которая раньше считалась занесенной в Европу миграциями степного населения прикаспийских степей в бронзовом веке, нашли у индивидов из Виллабруны (Италия, 14 тысяч лет назад) и у иберийского земледельца (семь тысяч лет назад). Локус HERC2, отвечающий за светлый цвет глаз у европейцев, появляется одновременно в Италии и на Кавказе (14-13 тысяч лет назад)”. При том, что согласно данным ДНК-генеалогии эрбины появились в Европе не ранее 5 тыс. л.н. Некоторые подписчики группы [“ДНК-генеалогия как историческая наука”](#) интересуются, не выходит ли так, что “придется сильно пересмотреть миграцию эрбинов”?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.05.2016 в 18:39](#)

Да, уважаемый «Сергец», опубликована объемная работа, которая содержит большое количество ценного экспериментального материала, в особенности ископаемых ДНК. Что касается интерпретаций, то их мало, и во многом повторяют предыдущие (с тем же небольшим набором оснований), или от них теперь отказываются. Но поскольку те, предыдущие интерпретации, были основаны на тех же принципах «геномного сравнения», что и в этой статье, то возникает вопрос – что было неверно в том сравнении, и почему это, нынешнее сравнение правильное? Об этом в новой статье ничего нет. Просто «проехали», и всё. Проблема продолжается, опять главный метод – сравнение «похожести» геномов. Раньше был похож, а вот теперь оказывается, что уже непохож.

Например, когда мы в ДНК-генеалогии пересматриваем ранние расчеты, что неизбежно, так как наука развивается, то у нас есть всегда определенные и вполне четкие объяснения – например, до этого были в

наличии только 12-маркерные гаплотипы, и их было мало, а сейчас мы рассчитываем по 67-маркерным, а то и по 111-маркерным, и их много. Погрешность в расчетах, соответственно, уменьшилась, и мы можем количественно показать, насколько уменьшилась. Мы можем показать, что на первой панели (12-маркерной) было столько-то мутаций, и что это было статистически искажено в сторону избыточных или недостаточных мутаций, а теперь, при наличии протяженных гаплотипов, статистика выровнялась, и соответственно изменились расчеты, но они, как правило, остаются в пределах погрешностей с предыдущими данными. Было, например,  $3000 \pm 2000$  лет, а стало  $5000 \pm 500$  лет. Соответственно, подправилась и интерпретация, это нормальное дело, когда понятно, почему подправились расчеты и интерпретация.

Но у популяристов не так. Они просто закрывают под ковер то, что оказалось неверным, и никогда не объясняют, почему они как бы забыли предыдущие данные, как мы только что обсуждали то, что произошло с «константами Животовского». Но этим они подрывают доверие и к новым данным и интерпретациям, потому что может оказаться то же самое, и опять их отбросят без объяснений. Поэтому нет особой охоты разбираться в том, а как они интерпретируют на этот раз. Я разбираюсь в их дебрях только потому, что хочу понять (в отличие от них), почему предыдущие данные (и интерпретации) были неверны, чтобы понять, насколько верны их последние данные. Я же и в «константах Животовского» разбирался по той же самой причине. Просто критиковать – легко. А вот предложить новое взамен, именно взамен – трудно, критики это делают крайне редко.

И когда я вижу в этой новой статье, что они в один и тот же «кластер» загоняют гаплогруппы R1b и J2a, потому что видят «сходство» (напоминаю, это «сходство» получает компьютер, сортируя данные и отделяя «идентичность по виду» от «идентичности по происхождению», а гаплогруппы компьютеру не показывают, поэтому этих ограничений у него нет), то я вижу фундаментальную порочность всего подхода. Надо непременно вводить гаплогруппы в анализ. Тогда бы не производили культуру шнуровой керамики (R1a) из ямной культуры (R1b), и срубную (R1a) из ямной.

Еще пример по новой работе. Раньше геномные популяристы (те же авторы) сделали вывод, что геном образца из байкальской Мальты сходен с обобщенным геномом современной европейской популяции, и это представлялось разумным, поскольку на Мальте была гаплогруппа R, а в современной Европе примерно 60% гаплогруппы R1b/R1a. В этой новой статье авторы уже пишут, что тот вывод был неверный. Почему он неверный, и почему такой вывод был сделан раньше ими же, объяснений нет. Может, раньше просто подогнали, что если на Мальте



R, а в Европе R1b/R1a, то так и должно быть? Посмотрели – а и в самом деле вроде как похож... А теперь посмотрели – и вроде как не похож... Но это тогда не наука. И вообще интересно, как это геном с гаплогруппой R в Мальте не похож на геном R1a/R1b в Европе? Прямой родственник же, потомок во втором поколении.

Из статьи невозможно понять, откуда во всех древних и современных людях в геноме есть 2% неандертальца. Это как, «по сходству» или «по происхождению»? И почему именно неандертальца, а не эректуса, например, генома ведь эректуса нет, как и массы приматов между общим предком шимпанзе и человека, и нами. Не показано, а какая погрешность этих 2%? Может, там  $2 \pm 15\%$ ? В общем, меня в статье интересуют только данные, и то те, в которых я сам разобрался. Обсуждения и выводы меня у них не особенно интересуют.

Кстати, о выводах в конце статьи. Их несколько. Первый – что начиная с 37000 лет назад (это время ископаемого костенковца) все найденные ископаемые европейцы имеют генетическую связь с современными европейцами. Второй – что начиная от костенковца 37000 лет назад до Виллабруна 14000 лет назад (Италия, эпиграветтская культура) и его кластера все люди происходили от одной общей предковой популяции, и никаких генетических вкладов со стороны не было (то есть вычеркивается вклад в европейцев усть-ишимца гаплогруппы K и мальтовца гаплогруппы R). Третий – что ископаемый образец (Гойет), найденный в Бельгии с датировкой  $34800 \pm 400$  лет назад, с гаплогруппой C1a-CTS1104, хронологически «ассоциируется» с ориньякским культурным комплексом. Четвертый, что потомки популяции, к которой принадлежал Гойет, были найдены с более поздней датировкой в Иберии и ассоциируются с магдаленской культурой. Пятый, что начиная с кластера Виллабруна (14 тысяч лет назад) все европейские популяции показывают «сродство» с Ближним Востоком, и это коррелирует с периодом значительного потепления после ледникового периода. Шестой, что в кластере Виллабруна некоторые образцы, «но не все», показывают «сродство» с восточной Азией.

Теперь о гаплогруппе R1b в их работе, которую, как видите, в выводах (и в Абстракте) даже не упомянули. Ее нашли в Италии с археологической датировкой 14000 лет назад. Образец ДНК был поврежден, поэтому поначалу там выявили субклад R1b1-M415, L278, но потом, по причине поврежденности образца, дали задний ход и обозначили ее как R1b. По предположениям авторов статьи, она пришла с Ближнего Востока.

*>> не выходит ли так, что “придется сильно пересмотреть миграцию эрбинов”?*

Нет, конечно. С появлением новых данных уточнить можно, так всегда развивается наука, и здесь нет ничего необычного. По единичным

точкам, даже когда образец не поврежден, концепции не пересматриваются. Вообще в науке заниматься прыжками не рекомендуется, типа «кто не скачет, тот не ученый». Эта точка вовсе не отменяет шлейф субклада R1b-M73 из Сибири до Кавказа (начиная от Ирана и до Кавказа он постепенно глохнет), шлейф одинаковых погребальных обрядов через Северный Казахстан и далее через ямную культуру (положение на спине) на Волге, которое продолжается через Кавказ до Британских островов, наличие почти исключительно R1b в хвалынской и ямной культуре, продвижение R1b-Z2103 от ямной культуры до Ближнего востока, и так далее. Как одна точка в Италии может это все «пересмотреть»?

Да, появление этой точки на Апеннинах пока непонятно. Но в Европе уже известны десятки тысяч гаплотипов R1b, одного R1b-L21 в 111-маркерном формате есть уже около 10 тысяч гаплотипов, и все общие предки уходят не глубже 4800 лет. Там просто нет места для 14 тысяч лет. Поэтому эта точка пока частный случай, outlier, то есть выпадающий из общего ряда. Будущие исследования покажут, в чем там дело. Может, какой-то древний Марко Поло. От Байкала до Италии даже по прямой 7500 км, и в те времена на лошадях не передвигались. Если он не бежал, передавая генетическое наследство на бегу, вроде как дозаправка боевого самолета в воздухе, то по обычным расчетам популяристов на этот переход должно было уйти не менее 8-10 тысяч лет. То есть та миграция должна была выйти с заданием прийти именно до Европы и именно по прямой, еще до образования гаплогруппы R1b. Что-то здесь не то... Ну вот теперь пусть желающие «пересматривают».

*И. Рожанский* говорит:

[07.05.2016 в 08:59](#)

>> *Да, появление этой точки на Апеннинах пока непонятно.*

...но оно оказывается очередным камнем в фундаменте предложенной недавно [схемы миграций](#), в поддержку которой, по мнению Анатолия Алексеевича, 7 месяцев назад “данных пока не было”. На самом деле они поступают, хотя и не лавиной, но с завидной регулярностью. Как и было предсказано на первой схеме из того комментария, какие-то люди из азиатской по происхождению гаплогруппы R достигли Европы (очевидно, северным маршрутом) еще до наступления последнего ледникового максимума. Судя по “палеоевропейской” мито-гаплогруппе U5b2b, древний “итальянец” принадлежал к какому-то из местных племен, но его явно минорная Y-хромосомная линия, скорее всего, давно уже пресеклась, либо сохранилась в виде реликтовых линий, что изредка встречаются в гаплогруппе R1b. Реликтовым линиям R1a, как мы знаем из имеющейся статистики, повезло больше, и их представителей на

ДНК-проектах набирается достаточно, чтобы, например, рассчитать датировки.

*Геннадий* говорит:

[07.05.2016 в 15:36](#)

Чокловина<sup>1</sup>, Костёнки<sup>2</sup> обозначены как СТ, Дольни-Вестонице<sup>3</sup> – как СТ (not YJK) – они действительно именно к этим гаплогруппам относятся или у них не смогли более точно определить субклады?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.05.2016 в 01:42](#)

Действительно относятся. Образец Костенки 12 (Воронеж, 32500 лет назад) показал шесть снийпов, все шесть относятся к гаплогруппе СТ. Образец Вестонице<sup>3</sup> (Чехия, 30900 лет назад) показал семь снийпов, из них шесть относятся к гаплогруппе СТ, седьмой (M5831) ранее относился к СТ, сейчас снят из списка снийпов как ненадежный, и два снийпа негативных, R26 и L16, которые относятся к гаплогруппам IJ и IJK, соответственно.

*Геннадий* говорит:

[09.05.2016 в 14:56](#)

Спасибо. Выходит, что костёнковцы по Y-хромосоме не имеют отношения к современным жителям Подонья.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[14.05.2016 в 04:38](#)

Нет, не имеют, если судить по гаплогруппе единственного насельника Костенок. Таких в России вообще практически нет, если смотреть доступные данные. Надо заметить, что часто раздаются слова, что, мол, костенковцы – наши предки, и что это показывает непрерывность населения на Русской равнине. Увы, нет. Все эти слова – по понятиям, а не по науке. Считают, что если европеиды – то непременно наши предки. Про Центральную и Западную Европу – то же самое, такие же совершенно необоснованные положения про «непрерывность» тысяч поколений в Европе. Есть целые теории на этот счет, типа «теория палеолитической непрерывности». Основания? Да практически никаких, опять «по понятиям». «Старая Европа» погибла примерно 4500 лет назад, Европу заселили эрбины, носители гаплогруппы R1b. А на Русской равнине – другие обстоятельства, много перепахал ледник,

сильно похолодало даже там, где ледник не дошел, вот и ушли люди. А пришли уже, видимо, другие, и они тоже сменились или сами не выжили.

*Геннадий* говорит:

[28.05.2016 в 16:37](#)

Почему “единственного” – теперь имеется C1b для образца Костёнки 14 (Маркина гора) и C1 для образца Костёнки 12. У обоих товарищей определена митохондриальная гаплогруппа U2.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.05.2016 в 09:09](#)

Да, это верно, второй из Костенок недавно появился, опубликован в мае этого года. Он несколько более поздний, датировки  $37500 \pm 1200$  и  $32400 \pm 600$  лет назад, соответственно.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[07.05.2016 в 18:50](#)

>> Да, появление этой точки на Апеннинах пока непонятно.

>> ...но оно оказывается очередным камнем в фундаменте предложенной недавно схемы миграций...

Должен огорчить – не является. Не проходит для «фундамента» ни по датировкам, ни по территориям, как следует из показанных по ссылке карт. Но давайте по порядку. Я только приветствую, когда участники представляют свое «видение», как в данном случае, «*постараюсь проиллюстрировать свое видение истории гаплогруппы R1*», но видение не есть даже гипотеза. Ранг «видения» намного ниже ранга гипотезы. Но «видение» полезно, потому что дает альтернативную (часто) картину другим гипотезам, даже когда к «видению» нет серьезных обоснований, или в виде обоснования приводится всего одна точка. Давайте кратко перескажем «видение», убрав лирику в виде повышения детской смертности или сокращения охотничьих угодий, или охоты как основы уклада, потому что их можно пристегнуть к чему угодно. Это – не обоснования, это некий гарнир. Итак, что имеем, в сухом остатке?

Первое – что гаплогруппа R, «*в том числе будущие R1*», передвигалась «*вдоль всей полосы евразийских тундростепей*» на запад, и было это ранее 22 тысяч лет назад.

Какие к тому основания? Никаких, кроме «видения». Но это нормально, видение есть видение. Единственное, что есть в наличии, это что гаплогруппу R нашли на Байкале с датировкой 24 тысячи лет назад. То, что она еще тогда передвигалась на запад, или начала передвигаться, что это было по евразийским тундростепям – этого ничего не известно, это – «видение». Как и то, что ранее 22 тысяч лет назад носители R и R1 вышли на Среднюю Волгу, правда, неясно, это направление движения, или уже пребывание. Но это детали, потому что это тоже неизвестно, данных таких нет, это – «видение».

Второе (20-17 тысяч лет назад) – *«Племена из родственных гаплогрупп R1a, R1b и R2 еще говорят на близких диалектах, давших начало дене-кавказской макросемьи»*.

Это тоже «видение», ничего из этого неизвестно, и непонятно, какие основания к тому, что носители гаплогрупп R1a и R1b «говорят на близких диалектах». Видимо, Игорь Львович продолжает руководствоваться тем, что R1a и R1b образовались в одно время и в одном месте, но это ниоткуда не следует. Более того, это, скорее всего, не так. Я уже объяснял это заблуждение раньше, и повторю еще, с большими деталями, раз это непонятно.

Данные по снип-мутациям показывают (<https://www.yfull.com/tree/R/>), что от гаплогруппы R1 до R1a произошла 101 снип-мутация, а от R1 до R1b – всего 45 снип-мутаций, то есть на этом основании говорить о том, что гаплогруппы R1a и R1b произошли в одно и то же время, не приходится. Если мы применим другую методологию, более детальную, и определим количество снип-мутаций в Y-хромосомах двухсот носителей гаплогрупп R1a и R1b (по сотне в каждой группе) от этих «узловых» мутаций до настоящего времени, то получим, что для носителей R1a это «мутационное расстояние» равно в среднем 170 мутаций, а для носителей R1b – 145 мутаций. Мы опять видим, что R1a и R1b образовались в разное время, или, точнее, что общий предок этих ста носителей R1a и общий предок ста носителей R1b жили в разное время. Это время несложно рассчитать, поскольку уже определено, что в анализируемых фрагментах Y-хромосомы (8.47 миллионов нуклеотидов, точнее, нуклеотидных пар) снип-мутация происходит в среднем раз в 144 года. Таким образом, общий предок гаплогруппы R1a жил  $170 \times 144 = 24480$  лет назад, а гаплогруппы R1b –  $145 \times 144 = 20880$  лет назад. Далее, не случайно выше стоит «в среднем», поскольку у каждого из этой сотни человек число мутаций варьировалось, и для гаплогруппы R1a среди изучавшейся сотни человек число мутаций хоть и было в среднем 170 (от узла R1a до настоящего времени), но вариации составляли от 148 до 187 мутаций. А в гаплогруппе R1b при средней величине 145 мутаций

вариации были от 127 до 164. То есть как ни считать, гаплогруппа R1b получается в среднем моложе, чем R1a.

И это понятно, почему, так как образование R1a и R1b – независимые события. Если оперировать средними величинами, то гаплогруппа R1b образовалась на 3600 лет позже R1a, и могла образоваться совсем в другом месте или регионе. 3600 лет для миграций – большое время, например, за тысячу лет носители гаплогруппы R1a несколько тысячелетий назад прошли от Германии до Урала, и еще за 500 лет – до Алтая. Так что любые рассуждения на тему о том, что R1a и R1b образовались в одно и то же время и, видимо, в одном и том же месте, и значит, язык у них должен был быть одинаковый, не выдерживают критики. И тем более, что говорили «на близких диалектах». 3600 лет – это разница между арийским языком и современными славянскими языками. Хороши «близкие диалекты». Тем более что далее идет:

*Третье – «Как R1a, так и R1b начинают свой путь на запад, но из разных стартовых точек и разными маршрутами».*

В таком случае никаких «близких диалектов» просто быть не может. Еще стоит отметить, что точно такой вариант предлагал еще немало лет назад и я, а именно путь R1a – по южной дуге, в итоге через Иран и Анатолию, а R1b – по северной дуге, через Северный Казахстан и Среднюю Волгу, и далее через Кавказ в Месопотамию.

Четвертое – что гаплогруппа R1b в Италии с датировкой 14 тысяч лет назад оказывается «очередным камнем в фундаменте предложенной недавно схемы миграций».

Смотрим на схемы миграций – на карте 20000-17000 лет назад R1b находится в районе Красноярска, на карте 11000 лет назад R1b между Черным и Каспийским морями, на карте 8000 лет назад – на Средней Волге и в Месопотамии. Никакого обоснования ни первой, ни второй датировки нет, как и нет никаких данных, хотя для «видения» никаких возражений нет. В принципе, могло быть и так, хотя датировки ботайской, хвалынской, ямной, майкопской культур по этому маршруту на тысячелетия более поздние, ну да ладно. Что касается карты для 8000 лет назад – это примерно то, что я писал с 2010 года, а именно для средневожской культуры 8000 лет назад, для Месопотамии 7000-6000 лет назад. Но зачем писать, что это «фундамент» для R1b в Италии с датировкой 14 тысяч лет назад?

Вообще-то мы даже не знаем достоверность этого определения R1b в Италии 14 тысяч лет назад, надо ждать подтверждений, тем более, что авторы не просто так отметили, что этот образец ДНК поврежден. Но даже если подтвердится, бывают случайные выбросы, но зачем сразу



«камень в фундаменте», тем более что «фундамент» был «видением», с другими территориями и датировками?

Что касается гаплогруппы R1a – мы не знаем, как ее носитель оказался 7265±250 лет назад в Карелии. Утверждать, что он пришел напрямую с востока, по «тундростепям», мы никак не можем, тем более что его нашли в паре с J-M304, той же датировкой. Но то, что гаплогруппа J была недавно найдена в дунайской культуре Сопот с датировкой 6049±29 лет назад, говорит о том, что мог бы прийти из Европы, с Балкан.

Пятое – *«Тогда же R1a входят в контакт с численно их превосходящими жителями «Старой Европы» из гаплогрупп I и G2a, начинается взаимодействие их языков», или далее «ранние R1a, перенявшие за счет креолизации значительную часть «палеоевропейской» лексики из местных языков (G2a и, отчасти, I2), но сохранившие многие черты своей «эрбинской» фонологии».*

Это вообще можно не комментировать, «видение» же, никаких данных к тому нет. Но с последним положением все в порядке, оно совпадает с тем, что мы с Игорем Львовичем высказывали годы назад: *Все дальнейшие миграции R1a идут уже из Европы, где около 6000 лет назад начался рост ветви R1a-Z645, которая охватывает почти всех носителей гаплогруппы, за исключением реликтовых ветвей (включая северо-западную L664), имеющих европейскую географию. Причем носители ветви Z93... с эрбинами и «древнеевропейцами» к тому времени уже разошлись во времени и пространстве, оттого и нет европейских ветвей R1b, равно как и R1a-Z283 в Южной Азии.*

Что касается того, что новые данные «поступают, хотя и не лавиной, но с завидной регулярностью» – это так, и это очень хорошо. В подавляющем числе случаев они подтверждают то, что мы ранее разрабатывали и предсказывали. Подтвердили то, что в андроновской и синташтинской культурах доминируют (или исключительно) R1a, что в хвалынской и ямной культурах доминируют (или исключительно) R1b (это мои предсказания еще 2010 года, описанные в Вестнике и на тюркском сайте в том же году, и они же в 2012 году опубликованы в *Advances in Anthropology*), и что культура колоколовидных кубков (ККК) – доминирующие R1b (из десятка ископаемых ККК пока ни одного исключения), и так далее. Остальные находки дополняют картину, не внося противоречий. Пока всего две неожиданности – R1a в Карелии, и пара R1b – в Испании (6 тыс. лет назад) и в Италии (14 тыс. лет назад), но какая же наука без неожиданностей? Это же не Устав караульной службы. Разберемся и с неожиданностями, концепции подправим и расширим. Нормальный ход.

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 89

**Анатолий А. Клёсов**  
**Anatole A. Klyosov**

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

[www.anatole-klyosov.com](http://www.anatole-klyosov.com)

### ПИСЬМО 309

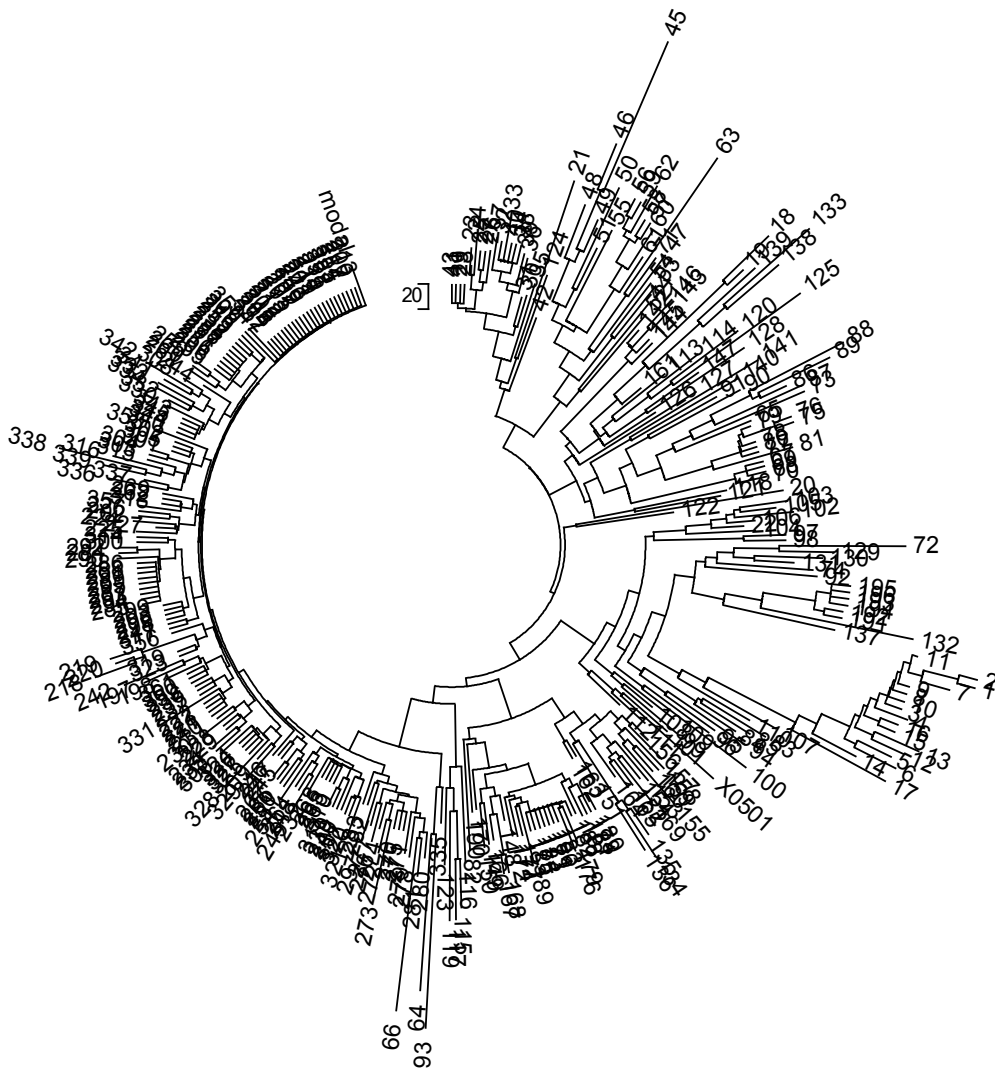
У меня определили гаплогруппу G2a-P15, а мой племянник сообщил, что у него гаплогруппа I1. Как такое может быть? Я переделал свой тест в американской компании FTDNA, и мне сообщили, что у меня тоже I1. Где ошибка? Свой 27-маркерный гаплотип из первой лаборатории прилагаю:

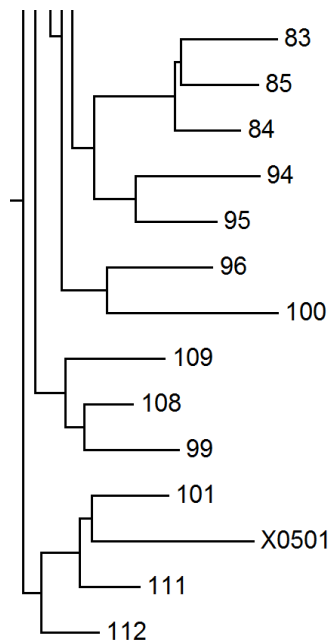
13 22 16 10 13 14 11 12 11 29 16 16 20 29 12 11 14 16 17 10 25 11 23 21 40 38-38

Видимо, мне надо потребовать с них деньги обратно.

### МОЙ ОТВЕТ:

Ваши сведения очень неполные, чтобы по ним дать обоснованное заключение. Об этом – ниже. Но пока посмотрим на ваш гаплотип. Он вполне надежно вписывается в дерево гаплотипов гаплогруппы G2 (обозначен индексом X0501 в правой нижней части на 4 часа), и в свою подветвь на этом дереве гаплотипов, показанную в увеличенном виде ниже. Правда,стораживает то, что он заметно «выдается» из ветви, но такие масштабы разнбоев для гаплотипов вполне допустимы, чтобы относиться к данной гаплогруппе и к данной ветви. Мутации происходят неупорядоченно, у одних их больше среднего, у других меньше, поэтому те, у кого их больше, «высовываются» из своих ветвей. А у кого в гаплотипах мутаций меньше среднего, например, гаплотипы под номерами 108 и 111, и им подобные, те, напротив, сидят на маленькой «ножке».





Но посмотрим внимательнее. Базовый гаплотип показанной ветви в 20-маркерном формате

**14 23 15** 10 13 14 11 12 11 29 **17** 16 20 29 **11** 11 **16 17 18** 10 (ветвь G2a)

(этот формат продиктован форматом гаплотипов в базе данных, в которой нет трех маркеров в 23-маркерном формате) отличается от вашего гаплотипа (тоже в 20-маркерном формате) **на 9 мутаций** (отмечены).

Итак, от данной ветви G2a ваш гаплотип отделяют 9 мутаций (на 20 маркерах). Это соответствует временному расстоянию в  $5400 \pm 1900$  лет, что для гаплогруппы G2a вполне нормально, хотя сама ветвь имеет заметно меньший «возраст»,  $3425 \pm 500$  лет. Но, как мы видим, эти различия попадают в диапазон погрешностей. Здесь можно было бы привести детальные расчеты, которые привели к данным датировкам, но это в данном случае будет, видимо, избыточной информацией. Если будет желание, объясню подробнее.

Теперь – базовый 23-маркерный гаплотип гаплогруппы I1, «возрастом»  $3700 \pm 370$  лет

13 22 **14** 10 13 14 11 12 11 **28 15** 16 20 **28 10 10** 14 16 **20** 10 25 11 **22**

От базового гаплотипа I1 на тех же 20 маркерах его отделяют **11 мутаций**. 12-ю мутацию добавил переход к 23-маркерным гаплотипам. Как мы видим, ваш гаплотип действительно ближе к G2a, чем к I1, 9 по сравнению с 11 мутаций. Между прочим, 12 мутаций на 23-маркерных гаплотипах эквивалентны 6575 лет разницы, что для обычных

европейских I1 просто невысказано, там возраст всего дерева составляет, как было указано выше, всего 3700 лет.

Итак, как мы видим, ваш гаплотип больше подходит под гаплогруппу G2a, как вам и определили в первой лаборатории. Поэтому, прежде чем требовать с них деньги за проведенный тест, давайте разберемся, какие основания у вас имеются для того, чтобы быть уверенным, что у вас гаплогруппа I1.

Первое – что у племянника I1. Но племянники бывают и по материнской линии (сын брата матери), вы не указали, по какой линии он ваш племянник. Если он сын брата матери, то у него гаплогруппа, соответственно, брата матери, а у вас – вашего отца. Технически гаплогруппы могут совпасть, но вовсе не обязательно. Итак, по этому пункту нужно дать дополнительную информацию.

Далее – даже если он ваш племянник по отцовской линии (сын брата отца), есть некоторая вероятность, в детали которой я бы не хотел сейчас вдаваться, что у вас с ним могут отказать разные гаплогруппы.

Короче, аргумент с племянником никак не может оказаться решающим. Для его прояснения мне нужно прислать копию сертификата племянника с гаплотипом и гаплогруппой. Гаплогруппа технически может совпасть с вашей, но чтобы совпали и гаплогруппа и гаплотип – это слишком маловероятно.

Далее, вы сообщили, что в компании FTDNA вам определили гаплогруппу I1. В компании FTDNA гаплогруппу не определяют, если только не был выставлен отдельный оплаченный заказ. В противном случае гаплогруппу просто предсказывают, глядя на гаплотип. При этом возможны, конечно, ошибки. В первой компании вам определили гаплогруппу, G2a. Поэтому для продолжения разговора прошу прислать мне, что именно вам определили в компании FTDNA. Иначе говоря, мне нужен сертификат компании. Его можно распечатать с вашей персональной страницы на сайте FTDNA.

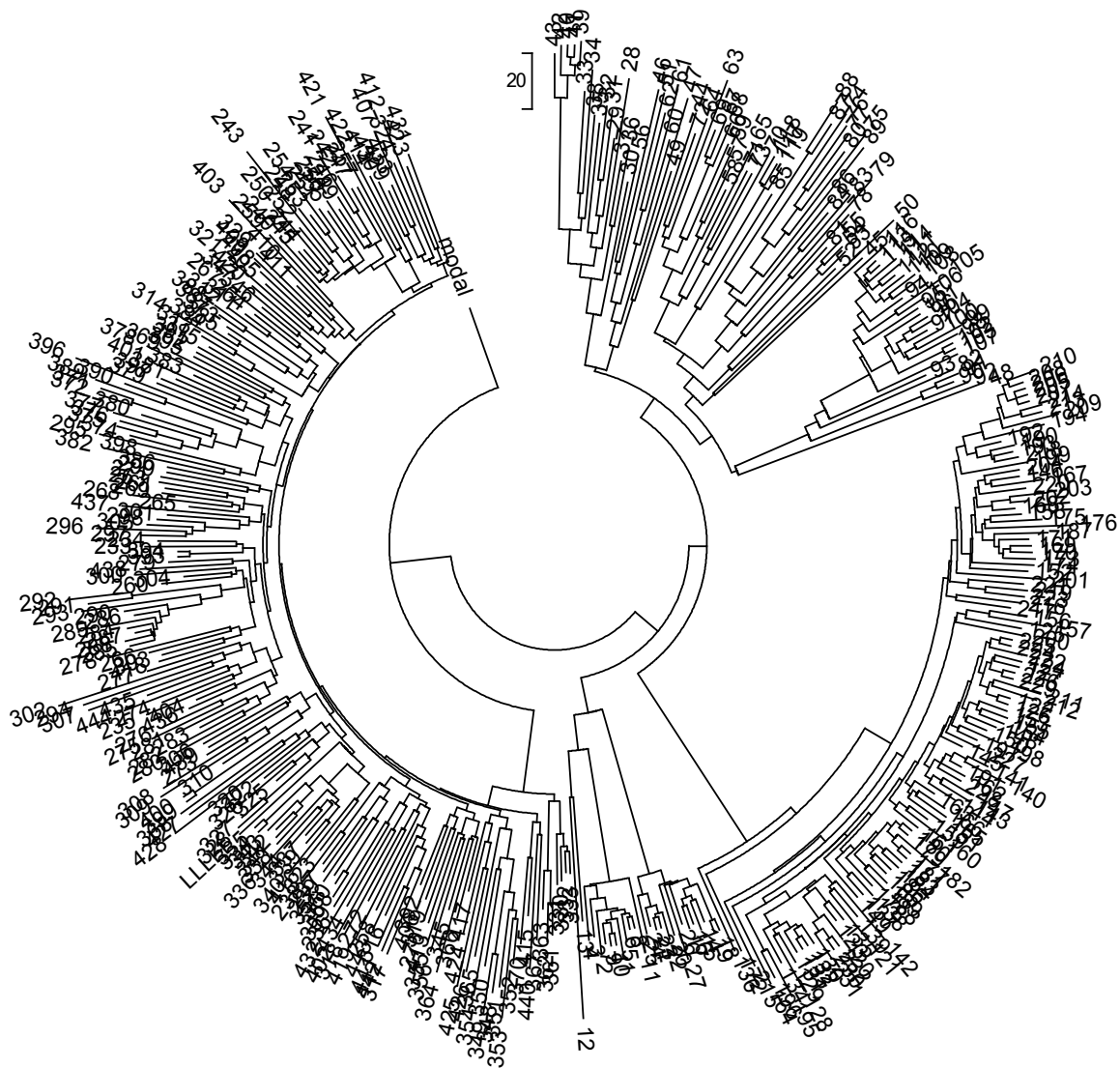
#### **ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:**

В последующей переписке респондент сообщил, что в научную дискуссию он вступать не собирается, ничего он высылать не будет, ему нужно от меня заключение, что первая компания неверно определила гаплогруппу G2a, потому что у его племянника гаплогруппа I1 (которую определила компания 23andMe), и что у него есть данные компании FTDNA, которые он представлять не собирается.

Круг замкнулся, переписку я прекратил.

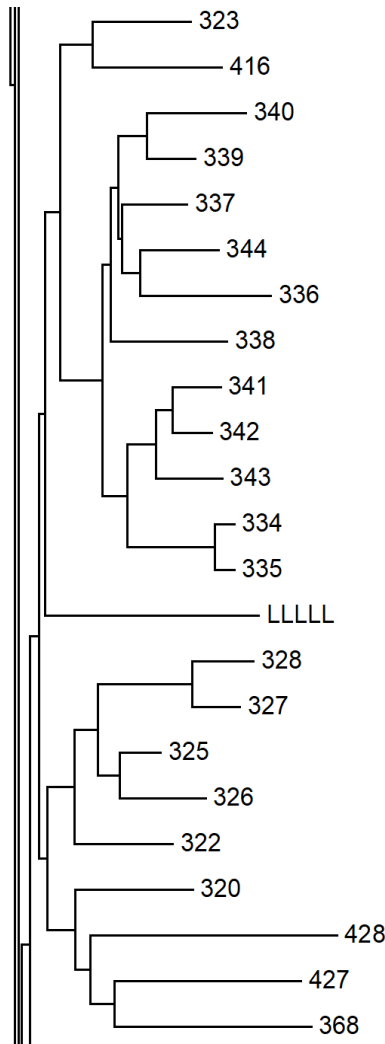
Прошло время, получаю от своего респондента сертификат FTDNA, датированный всего пару дней назад. Иначе говоря, когда между нами была переписка, сертификата у него не было. Но это так, к слову. В сертификате приведен 67-маркерный гаплотип, гаплогруппы нет, как я и ожидал. Но 67-маркерный гаплотип – это то, с чем уже проще работать.

Для рассмотрения того, к чему «склоняется» 67-маркерный гаплотип моего респондента, я составил список их 444 гаплотипов в 67-маркерном формате, где гаплотипы под номерами 1-232 относились к G1 (гаплотипы 1-13), G1b (гаплотипы 14-27) и G2a (гаплотипы 28-232), и под номерами 233-444 относились к гаплогруппе I1. Туда же добавил гаплотип моего респондента под индексом LLLLLL. Суммарное дерево гаплотипов приведено ниже.





Здесь справа - гаплотипы гаплогруппы G, слева - гаплогруппы I1. Гаплотип моего респондента (LLLLL) находится слева на 7:30 час, иначе говоря - в группе гаплотипов гаплогруппы I1. Правда, опять напрягает то, что он в этой группе стоит особняком, и ни с какой ветвью не связан.



Это обычно является признаком того, что программа не знает, куда этот гаплотип приткнуть, и «притыкает» совершенно произвольно, от «безысходности». Другими словами, он и к G2a не склонен, и к I1 тоже. Скорее всего, какая-то необычная ветвь.

На этой ветви гаплотип LLLLL находится между гаплотипами 335 (Украина) и 328 (евреи Русской равнины), и отличается от них на 21 и 27 мутаций соответственно. Это для 67-маркерных гаплотипов составляет примерно 212 и 289 условных поколений, соответственно, то есть 5300 и 7225 лет, соответственно. Учитывая, что гаплогруппа I1 прошла бутылочное горлышко популяции примерно 3700 лет назад, это нереальные величины, если только это не европейская гаплогруппа I1.

Но тогда «предсказывать» эту гаплогруппу I1 просто глядя на гаплотип, весь обезображенный нестандартными мутациями, как это делает FTDNA, не представляется разумным.

Если сравнить гаплотип моего респондента с базовым гаплотипом гаплогруппы I1, то между ними оказывается 19 мутаций, что эквивалентно  $19/0.12 = 158 \rightarrow 187$  условных поколений (по 25 лет), то есть примерно 4675 лет. Здесь, как и выше, 0.12 – константа скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов, стрелка – поправка на возвратные мутации. Мы опять видим, что, как и для 23-маркерных гаплотипов, удаление от предкового гаплотипа (который образовался примерно 3700 лет назад) составляет около 5000 лет. Это означает, что в гаплотипе имеется избыточное количество мутаций по сравнению со средними величинами.

Это именно то, что я пишу «изуродован мутациями», что затрудняет надежное отнесение его к гаплогруппе, в данном случае G2a или I1. Поэтому «предсказания» FTDNA не могут быть надежными. Как, впрочем, и мои, на основании деревьев гаплотипов. Такие мутированные гаплотипы-«джокеры» могут прыгать непредсказуемо.

Итак, ситуация моего респондента представляется тупиковой. Для него напрямую определили гаплогруппу G2a, что не исключает ошибки. Гаплогруппу в FTDNA для него вообще не определяли, и предсказали I1. Гаплотип действительно стоит ближе к I1 на дереве гаплотипов, но с другими гаплотипами I1 не ассоциируется. Мутационное расстояние для 67-маркерных гаплотипов от базового гаплотипа I1 выходит за разумные пределы, диктуемые временем жизни общего предка для современных гаплотипов I1. Но это не обязательно европейский гаплотип группы I1, может быть и евразийский, тогда базировать предсказания на его структуре почти бесполезно. Нужно определять снип, но в FTDNA снип для него не определили.

Наконец, есть еще один вариант. Попадают случаи «ложных» (или дублирующих) снипов в другой гаплогруппе. Иначе говоря, мутация происходит в нуклеотиде, который уже «записан» под другую гаплогруппу. Формально получается, что человек имеет две гаплогруппы, если ограничиться только «входящими» снипами. Но анализ нижестоящих снипов тут же выявляет, в какой гаплогруппе данный человек на самом деле состоит. Эти мутации после такого обнаружения нумеруются как -1 и -2. В данном случае не исключено, что мой респондент имеет обе снип-мутации, P15 и M253 («входящие» для G2a и I1, соответственно), и если нижестоящие субклады не определялись, то решить эту ситуацию можно или «предсказательно», рассматривая вид гаплотипа, или напрямую, определив какие-то

нижестоящие субклады. Либо, наконец, повторив определение обеих гаплогрупп, но в этом случае не исключено, что определяются обе.

«Предсказательно» в данном случае работает плохо, потому что гаплотип изуродован STR-мутациями. При рассмотрении 23-маркерных гаплотипов оказалось, что гаплотип разумно укладывается в дерево гаплотипов G2a. Более того, он ближе – по числу мутаций – к G2a, чем к I1. Наконец, он удален от предкового гаплотипа I1 настолько, что выходит за все рамки, во всяком случае для европейских I1 (общий предок которых жил всего 3700 лет назад, а гаплотип удален от него примерно на 5000 лет).

Все это делает задачу нерешаемой без прямого и независимого определения снипов гаплогрупп G2a и I1. Насколько мне известно, респондент делать это отказывается, и продолжает требовать деньги за тест обратно. Тестирующая лаборатория отказывается, без доказательств снипа гаплогруппы I1, при повторной проверке снипа на G2a.

Круг пока остается замкнутым.

## ПИСЬМО 310

В московской лаборатории ДНК-генеалогии у меня определили гаплогруппу R1a-M198, а персональная интерпретация дала следующее положение:

" У Вашего гаплотипа наблюдается характерная комбинация аллелей, которая позволяет отнести его к цепочке снипов: R1a-M420 > M459 > **M198** > M417 > Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > CTS1211 > CTS3402 > CTS8816 > Y2902, и, возможно, далее к нисходящему субкладу Y2910",

которое далее подтвердилось при рассмотрении дерева гаплотипов и его количественном анализе. Итог такой, что у меня снип Y2902, восточно-карпатская ветвь. Мне хотелось бы понять, почему Y2902 является именно восточно-карпатской ветвью, по каким признакам, по останкам людей или концентрации населения с такой же меткой на данной территории?

## МОЙ ОТВЕТ:

Субклад Y2902 называют восточно-карпатской ветвью (при наличии также северно-, западно- и южно-карпатской ветви) по распределению современных носителей гаплогруппы-субклада R1a-Z280. Естественно, четко очерченных границ там нет, эти названия довольно условные, для общей ориентации. Сам субклад Y2902 дает значительно более четкое отнесение, но и с ним можно найти людей в разных концах России, и за

рубежом. Можно предполагать, но пока со всей достоверностью не показано, что именно в восточно-карпатском регионе образовался субклад R1a-Y2902. Это могут показать ископаемые ДНК на этой территории, но пока таких данных нет.

То, что отнесение снипа R1a-Y2902 к восточно-карпатскому региону достаточно условно, видно из следующей карты, подготовленной И.Л. Рожанским для относительно небольшой группы людей, прошедших тестирование в московской лаборатории ДНК-генеалогии:



Здесь символы красного цвета – субклад R1a-Z280-Y2902, восточно-карпатская ветвь; зеленого – R1a-Z280-Z92-YP569, нижестоящий субклад северо-евразийской ветви R1a-Z92; синего – субклад R1a-CTS11962, центрально-европейская ветвь европейского субклада R1a-M458; черного – восточно-европейский (в основном славянский) субклад I2a-CTS10228.

## LETTER 311

I have had many auDNA matches but zilch from the yDNA-111. Not to say that it has been a complete waste of time and money rather simply that there has been no match to a known ancestor nor even anything pointing to a proximate time and place. In fact, the 111 marker matches don't even have the same SURNAME. Results with mtDNA have been similar. Could be informative for deep history but not a single tree match.

## MY RESPONSE:

The term “matches” that you employ needs a definition. If by “matches” you mean a complete identity of the 111 marker haplotype, no wonder you have not found one. If it not a complete identity, how many markers should be

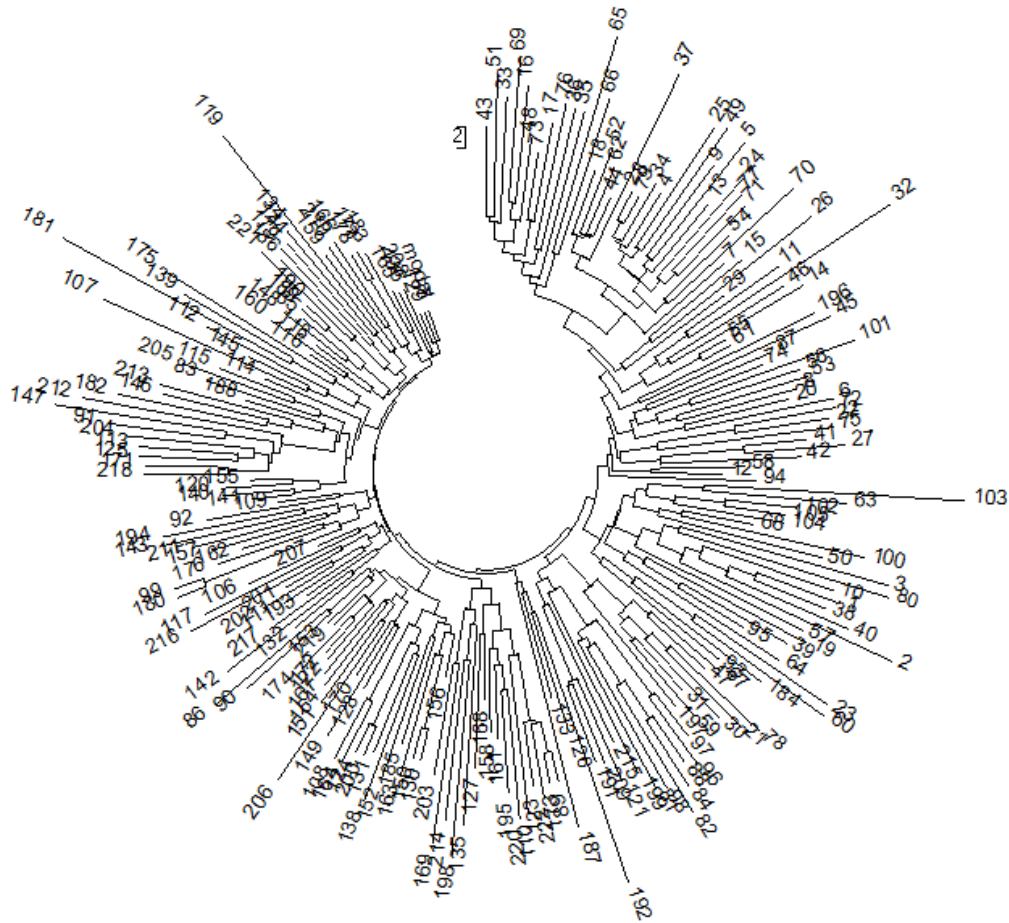
identical in two haplotypes to be qualified as a “match”? If by “matches” you mean only partial “matches”, no wonder they do not have the same surname.

### LETTER 312

In your paper “R1a in the last 9000 years” (Advances in Anthropology) you have shown a 67 marker Jewish Levite haplotype tree. Currently, many 111 marker haplotypes of Levites are available (attached). Can you draw the respective haplotype tree?

### MY RESPONSE:

The 111 marker circular tree is shown below



It shows a series of subclades R1a-FGC18222 (numbers 1-80) on the right-hand side, and R1a-Y2630 (numbers 106-232) on the left-hand side. Both arise about 1400 years ago. A tiny branch of R1a-YP3939 (also of 1400 ybp, haplotypes 102-105) sits within the first branch. The parent branch Y2619 (of 2600 ybp, haplotypes 81-101) is located between FGC18222 and Y2630. The

locations of the subbranches on the tree mean nothing except they are defined (by the computer) by variations in the base haplotype.

### **ПИСЬМО 313:**

Компания FTDNA сообщила, что у шотландского аристократа, Sir Godfrey McCulloch, рождения примерно 1300 года, 12-маркерный гаплотип отличается от моего всего на одну мутацию. Что это означает? Он мой родственник? Его гаплогруппа R1a-M198. Прилагаю свой и его 37-маркерные гаплотипы (здесь не показаны).

### **МОЙ ОТВЕТ:**

Честно говоря, причина вашего вопроса от меня ускользает. Вы не можете брать первый попавшийся гаплотип, и не проверив его детальный субклад (зная только, что он M198), и видя, что между вашими двумя более протяженными (37-маркерными) гаплотипами большое расстояние, даже предполагать, что он ваш родственник. На каком основании?

Неужели только потому, что в первых 12 маркерах между вашими двумя гаплотипами всего одна мутация? Но это чистый обман со стороны FTDNA. Они прекрасно знают, что вариантов различий на первых 12 маркерах мало, всего несколько десятков у большинства людей, а включая экзотические варианты - всего несколько сотен. Тестируются же тысячи и десятки (сотни) тысяч человек, поэтому почти все совпадения - ложные по сути.

Так и у вас двоих с упомянутым шотландцем - на первых 12 маркерах всего одно различие, а далее они прогрессивно нарастают. На 37 маркерах между вами уже 11 мутаций, что эквивалентно 3500 лет между вашими гаплотипами. Его гаплотип тоже попадает в гаплогруппу R1a-Z92, но она образовалась 4700±500 лет назад, у нее целый ряд нисходящих сніпов. В одну "ветвь" на дереве гаплотипов с Вами он может попадать только если у него тот же нисходящий субклад. Только в этом случае он Ваш "родственник". С 11 мутациями разницы это маловероятно.

### **ПИСЬМО 314**

С большим интересом прослушала Ваше выступление на Утубе о происхождение евреев. Я происхожу из рода Левитов, но у нас в семье легенда, что мы также Коены. В какую организацию можно обратиться, чтобы получить расшифровку моей и моего брата ДНК.



## МОЙ ОТВЕТ:

Обратиться советую в Академию ДНК-генеалогии в Москве, <http://dna-academy.ru/>, посмотрите последний раздел в верхней панели.

Скорее всего, Вам понадобится персональная интерпретация результатов теста, которую делают только в Академии, и больше нигде в мире. Но надо сказать, что результат женского теста (митохондриальная ДНК) может быть сложный, как понимаете, женщин-коэнов не бывает. Интерпретация мужского теста зависит от того, что покажет тест. Он может оказаться практически «в десятку», может - нет.

Если Вы живете за пределами России, то возможны другие лаборатории для тестирования. Тогда напишите, я подскажу. Но без интерпретации в московской Академии Вам все равно не обойтись.

## ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ

Большое спасибо за ответ. Я живу в Нью Йорке, и мой брат хотел бы пройти тест на возможную принадлежность к гаплогруппе Коена. Посоветуйте, пожалуйста, компанию которая выдаёт более достоверные результаты.

## МОЙ ОТВЕТ

Тогда ему надо обратиться в компанию FTDNA и заказать 67-маркерный гаплотип и гаплогруппу, этого для начала будет достаточно. Если в будущем он решит заказать себе 111-маркерный гаплотип, то достаточно в компанию просто сообщить, они хранят образцы ДНК. Но 67-маркерный стоит заметно дешевле, чем 111-маркерный. Адрес компании легко найдете в Google, там же написано, как делать заказ. Но персональную интерпретацию там не делают, и брат по полученным данным вряд ли определит, что всё это означает.

## LETTER 315

I was reading your paper on the history of R1b. And I read an interesting thing about **DYS439 10**; about it representing only .5 percent of all the R1b's of Europe.

I'm a U152\* at 23andme with a **DYS439 10**. Does this shed any light on its possible origins?

**MY RESPONSE:**

The fact that you have DYS439 = 10, only means that you have a rare allele in the DYS439. It means nothing else. Those alleles are governed by pure statistics. For example, among 245 Basques of R1b haplogroup, only five of them have DYS439 = 10. Alleles have various repeats (10 in your case), and every number has its own likelihood. 10, again, in DYS439 is rare.

It tells nothing regarding your origin, since you already know, that you belong to R1b-U152, and THIS defines your origin.

**CONTINUATION**

Is there a defining DYS for Z36 or Z56 within U152? Or does it not work like that?

**MY RESPONSE**

It does work precisely that way. Subclades/snips Z36 and Z56, and all other, each had a common ancestor with his own ancestral (base) haplotype.

**CONTINUATION**

Is there a web page or place I can go to check this out for myself? I'd like to see if I can put to rest a theory on my family line. I'm curious.

**MY RESPONSE**

To check what?

If you need a series of U152 haplotypes with their subclades, look up for FTDNA U152 Project.

**CONTINUATION**

I was hoping I could check my DYS results and see if I could further identify my line. My brother is 240639 in the Z8 group on U152. They advised he upgrade but money is tight so I was trying to work it out myself.

Not knowing the key DYS marker results used to place one in Z52 or Z36 or Z192 ect. I am not making any headway. Also all my matches are only other relatives. None I know.

My brother did FTDNA and I did 23andme. With FTDNA we are M269, and with 23andme we are U152.

You have been helpful. I do really appreciate your responses. I know you could ignore me. I did email the admin with U152 who advised that I should upgrade. But, again, funds are tight.

### MY RESPONSE

It seems you bark at a wrong tree. Single DYS results cannot be used to identify anything such as you aim at. Each of a single DYS number is a product of a silly statistics. For example, in R1b-L21, which is a close relative to R1b-U152, among 3466 haplotypes DYS439 is distributed as follows:

9 ----- 0  
10 --- 12  
11 ---698  
12 -- 2213  
13 --- 451  
14 ---- 87  
15 -----5  
16 ----- 0

As you see, "10" takes about 0.35% of all. So what? Those twelve individuals are not relatives (in a common sense of this term). It just happens. The ancestral haplotype some 4000 years ago contained DYS439 = 12, and after 4000 years the majority of his descendants still possess DYS439 = 12, many have mutated 12 → 11, a few have mutated 12 → 11 → 10. That is all. Not a big deal. Yes, your line can have that DYS439 = 10, and this might be a good lead. However, that 11 → 10 mutation could have happened in your grandfather. In order to answer that question, you have to collect haplotypes among your relatives (uncle and his lineage, etc.).

M269 is a parental subclade of U152. So there is no contradiction here.

### CONTINUATION

I appreciate all your help. I know more now than I did. I know 23andme tests for downstream values of U152. But I think I read somewhere that even though you aren't assigned to a downstream assignment you could still be. It's the chip version they use?

Thank you again, you've been the most helpful

If down the road I have other questions I hope you won't mind if I ask

### MY RESPONSE

*>I know 23andme tests for downstream values of U152.*

You need to think through what actually do you want to know. There are dozens and potentially hundreds of SNPs downstream of U152. Do you want to know them all? Or some of them? What for? What is your specific question? People often want to know they SNPs “deeper”, however, they cannot explain why and what for.

Some testing companies determine SNPs one by one, some employ chips of different capacity.

When you ask me questions, please be kind to specify why do you need to know answers. Just curious? Just want to know “more”? Or you work on a specific task, and you believe that knowing that particular answer solves a particular problem.

## CONTINUATION

I guess what I really want to know is the answer to a question that has been around a long time with my family. Some family genealogists have concluded our family is German or Swiss. But others are convinced we are Italian Jews who moved north into German lands. So I thought I could do a little family research and come to a reasonable conclusion. But it was inconclusive.

Examples are:

Our surname originally sounded as it was both German and Jewish. They first came to Lancaster PA which is one of Americas oldest Jewish communities. But it was also German. My ancestor lived with his uncle (same last name) who circumcised himself and was ridiculed for being a judaizer. My ancestor line was even called Jews of Oley Pa. But was this because the wife had a German name which could have been a Jewish name either?

They would entertain Jewish Indian traders and my ancestor was an Indian trader for awhile in western NC. So was he the typical Jewish Indian trader or a German Indian trader which is not common?

I could continue along these lines but I thought our DNA would answer it. But it hasn't yet to my satisfaction. I learned U152 is Italian but it is also found in France and Germany etc. So I thought maybe it's L2 or something that might help localize its origins but the results so far with 23andme and Ftdna is too generic. 23andme though they test downstream left mine at U152 only.

Though U152 is a European haplogroup it doesn't rule out the possibility of an Italian Jewish background which is the assertion others have made even going back long before DNA testing was around when others knew the

family was Saxon. So I joined the Ashkenazi group at FTDNA and I guess we are in a maybe status?

One group called Jewishdna compiles the different DNA services Jewish groups results and compiles their findings. We were grouped under a maybe. I don't know who they even are. I found them by googling my kit number.

So I have yet to reach any conclusive results. I guess this is why the different family researchers have reached different conclusions. But Italian Jews are a third group of European Jews whom I wouldn't be surprised have brought into their circles U152 men.

I love a good mystery. Either result is fine. Sorry this was long.

### **MY RESPONSE**

Frankly, considering your story are getting too heavy upon my time limits. I hope you do not mind me saying this. What I meant was that you should specify your goal and work on it, not that I would work on it. Briefly, your case is solvable (to some limits), since Jewish DNA lineages are pretty much specific and can be differentiated from other, non-Jewish lineages. The reason is simple – for millennia Jews have not mixed with non-Jews, and developed their own distinct DNA-lineages. A skilled DNA genealogist can do the job. There are two problems, though, (1) there are very hard to get, and (2) they are often too expensive. So it seems that you get stuck in limbo. Your descriptions cannot solve the problem, they are very non-professional, which is, of course, not surprising. It is a common situation. To handle your task professionally, it would take good time, searching databases, composing haplotype (genealogical) trees, looking into branches where your haplotype went, and looking whether those are Jewish (predominantly) branches or not. In other words, it would be a specific Project.

You can make the task easier if you determine your downstream (from U152) subclade. However, there are many subclades under U152, and to search from them one by one, would cost \$39 each at FTDNA. They can be evaluated at once, by a procedure such as BigY for \$599, again at FTDNA. There are number of other options, but all are rather costly.

I wish I could help you, and I am one of those DNA genealogists, who are hired from time to time for a similar job. I have done several hundred of them. However, right now my hands are quite full, to spend several days (or even hours) for your Project.

Regards,

### **CONTINUATION**

I was only intending to explain what I wanted to know. Nothing more. Sorry if I left a wrong impression. You're right. I need to get further testing and that will likely answer this question.

My family is surprisingly documented this side of the pond being written about by numerous sources both family and non family. Books have been written over 3 different periods in the last 100 or so years. Where the family splits is once they start researching in Europe. But I know that what I really need to do if I want to answer this question is further testing.

Again thank you very much.

### **ПИСЬМО 316**

Хотел бы пройти тест на принадлежность к коэнам. По отцовской линии только слухи. Живу в Израиле, но родился в Латвии. Мой прадед жил уже в Латвии в середине 19 века. Делает ли Ваша лаборатория такой тест?

### **МОЙ ОТВЕТ**

Вам следует сделать ДНК-тест (гаплогруппа-субклад и гаплотип), и далее в той же Лаборатории ДНК-генеалогии (Москва) заказать персональную интерпретацию результатов теста. Пусть Вас не смущает ваша "некоэнская" фамилия, таких случаев много, когда носители некоэнских фамилий оказывались в группе коэнов. Более того, вскоре в Академии ДНК-генеалогии стартует "Проект коэнов", так что время запроса Вы выбрали удачное.