

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

**Proceedings of the Academy  
of DNA Genealogy**

**Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 10, No. 12  
December 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

Черные и Белые топонимы РФ и стран Восточной Европы. Этимология. Ретроспектива. <i>Щербинина Е., Пайор Е.</i> . . . . .	2891
<i>Анатолий А. Клёсов.</i> Прямая линия. Часть 2 . . . . .	2919
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 90, письма 317-321. . . . .	3038

# Черные и Белые топонимы РФ и стран Восточной Европы.

## Этимология. Ретроспектива.

Екатерина Щербинина, член Академии ДНК-  
генеалогии

[zoonika@yandex.ru](mailto:zoonika@yandex.ru)

Евгений Пайор

[e.v.pajor@gmail.com](mailto:e.v.pajor@gmail.com)

В статье обсуждаются такие топонимические единицы, как Чёрная, -ый и Белая, -ый. Данные топонимы привлекли внимание авторов в связи со своей многочисленностью и концентрации в северных и северо-западных областях РФ, а так же других регионах Восточной Европы (См. приложение 1, карта интерактивная). Литературные данные по вопросу этимологии указанных названий не являются полными, а исследования законченными. Целью настоящей работы стала проверка топонимических единиц Чёрная(ый) и Белая(ый) на наличие системы и дана попытка уточнения их семантики, исходя из лингвистических, исторически, археологических данных, а также с позиций ДНК-генеалогии.

С точки зрения науки топонимики данные объекты давно изучены и не представляют собой какой-либо загадки. Их однозначно связывают со славянскими миграциями на Русской равнине (РР) в начале новой эры. Это действительно так. В связи с этим возникает вопрос, возможно ли связать данные топонимы с миграционным путём движения славянских племён с территории Восточной Европы на РР и уточнения этимологии данных названий и их значение. Для выполнения данных целей был поставлен ряд задач.

1 - Насколько положение Чёрных и Белых гидронимов, представленных на карте РФ, является системой, и существует ли их взаимная корреляция. Именно потому, что понятие черный-белый являются антонимами в современных славянских языках, и представляют собой

дуалистическую единицу, важно понять существует ли взаимосвязь между расположением чёрных и белых гидронимов.

2 - Интерпретация значения.

3 - Поиск как лингвистических, так и культурологических основ данных топонимов.

4 - Выявить какие ещё народы пользовались подобным ономастическим приёмом в исторической ретроспективе.

Для решения этих задач мы разделили работу на две части. Первую - техническую, и вторую - интерпретационную. В первой решается задача доказательства наличия системы черных и белых гидронимов с помощью математических методов. Во второй идёт описательная часть известных исторических и лингвистических фактов по данному вопросу. В конце мы сможем предположить, насколько же Черные и Белые топонимы могут служить маркерами древних славянских миграций.

### **Часть первая.**

Чтобы достоверно доказать наличия системы в любой сфере науки, обычно прибегают к математическим расчётам. Если система существует, то её можно выявить. Тем более если это касается гуманитарных наук. Если какое-то положение можно подтвердить цифровым выражением, то мы вправе говорить о большей достоверности этого положения. Как же можно математически оценить положение гидронимов? Мы применили коэффициент частоты (Кч) в данном случае. Расчёт вёлся по формуле:  $Kч = n/m$ , где  $n$  событие произошло (река белая),  $m$  - число всех событий (всего рек).

Чтобы не быть привязанным к административным территориальным единицам, для расчётов мы выбрали речные бассейны, поскольку их число стабильно во времени. Чтобы произвести расчёты, из государственного реестра рек РФ взяли их общее количество - 116260, из них безымянных - 40471, то есть 75789 рек имеют названия. Посчитали и нанесли на карту отдельно реки с название Чёрная (см. карту) и Белая (см. карту). Из общего количества рек название Чёрная имеют 602 (0,8%); Белая-217 (0,3%). Соотношение этих величин равно примерно 3 к 1, а точнее 2,8. Далее рассчитали коэффициенты частот (Кч), приведенные в таблице 1 (см. приложение). Из таблицы 1 видно, что по содержанию Кч Чёрных рек лидируют бассейны (приведены коэффициенты частот):

1.Нарва	0,045
2.Балтийский бассейновый округ	0,021
3.Нева	0,017
4.Бассейн междуречья Терека и Волги	0,017
5.Мезень	0,016

6.Верхняя Волга без бассейна Оки	0,014
7.Реки Кольского п-ва и Карелии, впадающие в Белое м.	0,014
8.Междуречье Печоры-Мезени, впадающие в Баренцово м.	0,012
9.Кама	0,011
10.Ока	0,010

Следует пояснить, что регионы Сибири и Дальнего Востока указываются для статистики, но не участвуют в интерпретации, так как отражают более поздние времена (16 век и позднее), и не могут быть привязаны к ранним славянским миграциям. Тем не менее, укажем лидирующие бассейны на данных территориях. Это:

Бассейн рек острова Новая Земля - Кч=0,017; Бассейн Иртыша - Кч=0,02;  
П-ова Сахалин - Кч=0,012.

По Белым рекам:

1.Реки Кольского п-ва и Карелии, впадающие в Белое море	0,08
2.Междуречье Терека и Волги	0,08
3.Терек	0,06
4.Западно-каспийский б.округ	0,06
5.Кубань, Кама, Верхн.Волга без б. Оки	0,05
6.Печора	0,03
7.Мезень	0,02
Камчатка	0,07
	(не учитывается)

По лидирующим регионам отметим

Чёрные реки: Нарва, Балтика, Нева, Междуречье Терека и Волги, Мезень, Верхняя Волга без б. Оки, Кама, бассейны рек Кольского п-ва и Карелии, впадающие в Белое море.

По Белым: Бассейны рек Кольского п-ва и Карелии, впадающие в Белое море, Междуречье Терека и Волги, Кама, Верхняя Волга без б. Оки, Печора, Мезень. Как видим большинство позиций совпадает. Территориально это север РР, Верхняя Волга, Кама, междуречье Терека и Волги. Данные территории совпадают с вектором миграции славян по Русской Равнине, начиная с 6 века н.э., с постепенным распространением на север вплоть до 15-16 вв.; на запад после взятия Казани-15-16 вв.; и освоения Сибири и Дальнего Востока в 16 в и позже. Территория стран Восточной Европы указана для статистики, для детального её описания требуются отдельные глубокие исследования, такая цель не входила в задачи нашей работы.

Самое важное, что можно вынести из наших расчётов, это наличие корреляции между Чёрными и Белыми гидронимами. В большинстве

регионов присутствуют и те, и другие одновременно. Всего в 11 бассейнах из 78 присутствуют только Черные реки (14 %), и только в 7 из 78 только Белые (9%). Здесь надо учитывать, что территориальные административные единицы не учтены в статистике, например Кубань и Терек (где присутствуют по одной Белой реке), могли входить в единую зону проживания, например в р-не Нальчика и Владикавказа (см. карту), где присутствуют и Черные реки соответственно.

Все остальные только Белые бассейны, а именно: Анадыро-Колымский, Ангара, Индигирка и б.Чукотского моря, можно исключить из последующей интерпретации как регионы позднего заселения. В нашу задачу не входило подробное описание каждого региона. Нас интересовала общая тенденция.

Выводы по разделу:

Исходя из картирования районов РФ и полученных коэффициентов частот по этим районам, мы видим, что существует корреляция между наличием Черных и Белых рек в крупных речных бассейнах в большинстве случаев. В тех районах, где присутствует река Чёрная, ей соответствует и Белая. То есть на каждые три Черные реки в регионе присутствует одна Белая. Благодаря тому, что для статистики выбраны бассейны рек, мы исключили влияние на статистические данные современное разделение территории РФ на административно-территориальные единицы. Это могло бы помешать оценке древних миграционных потоков. По содержанию Черных и Белых рек лидируют регионы севера РФ (бассейны рек Нарва, Балтика, Нева, реки Кольского п-ова, впадющие в Белое море и т.д), Верхняя Волга, Кама, междуречье Терека и Волги. Всё это совпадает с миграционными путями заселения славянами севера Русской равнины 8-13 вв и освоения территорий, принадлежащих ранее Хазарскому каганату, булгарам и татарам (в разные времена).

## Часть 2

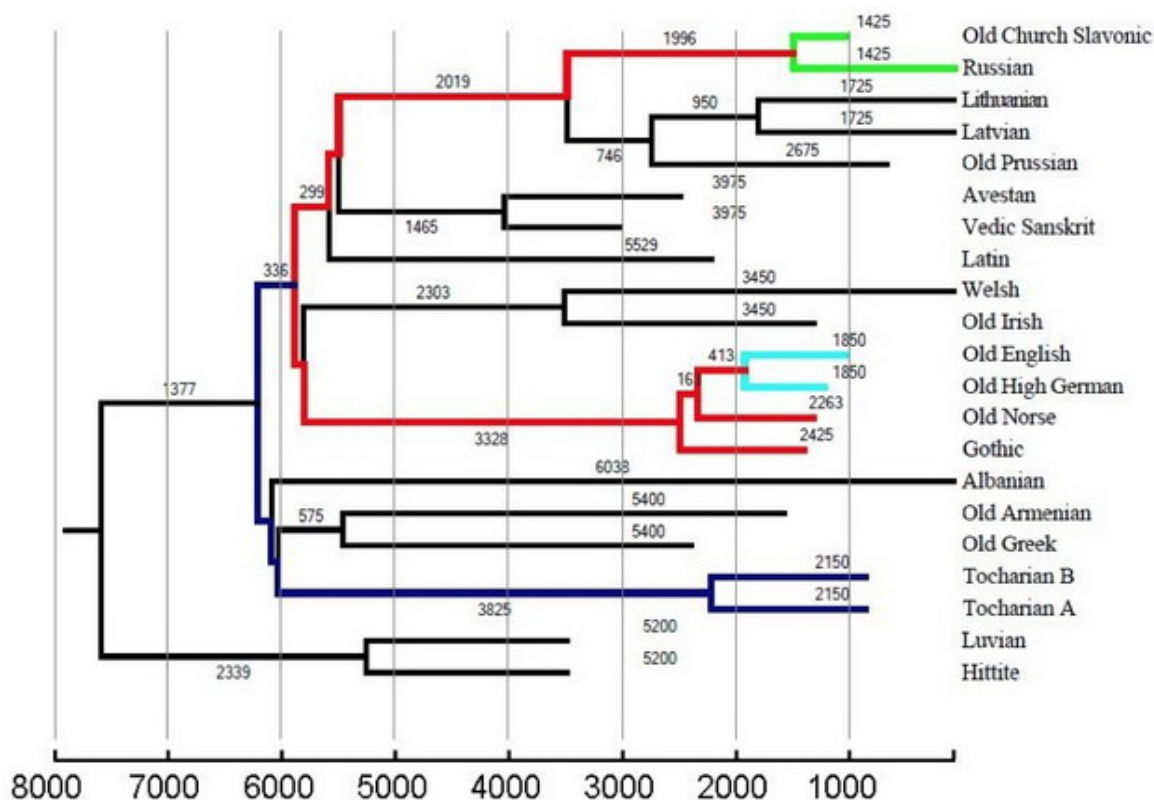
Как было сказано выше, Чёрные и Белые реки (озера) без всяких загадок надёжно соотносят со славянским языком. Одни из самых ранних славянских топонимов Восточной Европы мы видим у Любора Нидерле (1902-1934 гг). Он в своих «Славянских Древностях» приводит примеры славянских топонимов Подунавья, отмеченных в римских источниках: озеро Пелсо (совр. Плесо - стоячая вода; отсюда Плесков (Псков - прим. автора), река Волка (совр. Вука), река Врбас (Vrbasu), приток Врбаса-Плива, Быстрица, Бистра, река Чёрная (statio Tsiernen), у Прокопия крепость Зерна (Черная), река Брзава (слав Бързь - быстрый). Мы видим целых два славянских топонима Черных, река и крепость (видимо названная по рядом протекающей реке).

Однако по части интерпретации данных топонимов существуют несколько версий, и ни одна не выдерживает перекрёстной проверки на дуалистическую систему Чёрный-Белый. Существует несколько основных объясняющих версий в топонимике, связанные с характеристиками ландшафта. Но ни одна из них не объясняет наличие системы в расположении топонимов, и их связь между собой на определённых территориальных единицах, таких как бассейны рек. Чтобы разобраться, какой смысл вкладывали средневековые славяне в топонимы Чёрный и Белый, нам придётся подробно разобрать этимологию и семантику данных лингвистических единиц. Но так как прямой лингвистический разбор нам даёт не много, для составления наиболее достоверной версии нам придётся подключить исторические, археологические данные, и данные ДНК-генеалогии.

Территория Европы считается наиболее изученным регионом в топонимическом отношении. Если мы проведём небольшой анализ, то заметим, что топонимы Чёрный и Белый встречаются только на территориях, входящих в ареал обитания определённых народов. Это кельты, германцы, славяне и балты - народы, которые в конкретное время обитали на сопредельных территориях, и жили фактически «чересполосно». Есть ещё один важный аспект, который объединяет вышеперечисленные этносы. Это индоевропейский язык, и именно он, для разных по происхождению народов, позволяет иметь общие культурно-социологические особенности.

В какое же время, кельты, славяне, балты и германцы были соседями? Здесь требуется небольшая ремарка. Мы говорим, конечно же, о предках современных этносов. Например, для славян официальная история начинается только в 5 веке нашей эры. Но так как по большей части нам придётся обсуждать именно лингвистические проблемы, это позволит нам опуститься на глубину образования вышеперечисленных языков. Возьмём для рассмотрения дерево образования языков (автор И.Л.Рожанский, опубликовано в дискуссии к статье <http://pereformat.ru/2015/09/balto-slavyane/>).





Мы видим, что расхождение на ветви для балто-славянских языков начинается около 3500 лет назад, так же как и у кельтских. Для германских языков это несколько позже, около 2500 лет назад.

В археологии для кельтской гальштатской культуры идут несколько более поздние датировки, чем на схеме выше, 900-400 л до н.э. (Мурадова, 2010), то есть примерно 2900-2400 лет назад. Археологические исследования с большей степенью достоверности доказывают, что берега Верхнего Дуная были прародиной кельтов, откуда некоторые племена переселились в Испанию, а чуть позже в Италию и на Балканы. Существование пракеельтского языка датируется 1000-500 гг. до н.э. [Adams, Mallory, 1997: 96]. Первым от пракеельтского откололся кельтиберский язык, сохраняющий множество архаизмов, а за ним последовал лепонтийский [The Celtic languages, 2009: 23-24]. В Северную Италию кельты (лепонтийцы) пришли в VII-VI вв. до н.э. [Калыгин, Королёв, 2006: 53]. На Пиренейском полуострове кельты появились в VII в. до н.э. [Калыгин, Королёв, 2006: 54]. В VI в. до н.э. кельты уже жили в Трансальпийской Галлии (территория нынешней Франции) [Калыгин, Королёв, 2006: 98]. Дунай кельты пересекли в IV в. до н.э. и заселили северо-восточную Венгрию и Трансильванию [The Celts, 2012: 176]. В конце V – начале IV в. до н.э. кельты появляются на Балканах [The Celts, 2012: 177], Саенко, 2014.

Культурные связи между этими народами подтверждаются и многочисленными лингвистическими заимствованиями. В проекте Вавилонская башня мы видим 187 изоглосс между кельто-италийскими и балто-славянскими языками против 34 германо-кельто-италийских, 96 германо-балто-славянских и 45 корней, общих для балто-славянских и индо-иранских групп. В счет не брались корни, относящиеся к общеиндоевропейской базовой лексике, что независимо вошли в языки разных ветвей. Большая часть изоглосс с кельто-италийскими языками (если не все) восходит к весьма древним временам, как можно судить из их семантики и фонологии. Попытки объяснить их контактами эпохи позднего Рима выглядят малоубедительными (Клёсов А.А., 2009).

Приблизиться к разгадке краеугольного камня происхождения праславян нам позволила ДНК-генеалогия. Сегодня мы уверенно можем связать этот процесс с конкретной археологической культурой, а именно культурой шнуровой керамики, она же культура боевых топоров. Именно её субклады, выделенные из палео-ДНК, содержат современные славяне и балты (ок. 40-50% в разных географических зонах). Было бы недопустимым обобщением говорить о единой точке выхода племён боевых топоров, и о едином языке. Культура складывалась очагово, и каждое её локальное ответвление имело свои особенности, в том числе, скорее всего, и диалектные. Но и отрицать близкое родство её локальных очагов, думаем, на современном этапе никому не придёт в голову. Посмотрим на географию расселения племён боевых топоров по Европе. Датировки по культуре составляют в среднем 2850-1780 лет до н.э. (Юшкова).

Приведём самые известные локальные варианты культуры боевых топоров: скандинавская культура ладьевидных топоров, культура одиночных погребений Северной Европы, восточноприбалтийская культура ладьевидных топоров, финская культура боевых топоров, жуцевская или висло-неманская культура Юго-Восточной Прибалтики, фатьяновская культура с ее балановским вариантом, великопольско-мазовецкая культура, культура Злота, среднеднепровская культура, верхнеднепровская или днепро-деснинская культура, городокско-здолбицкая культура, стжижовская культура, саксо-тюрингская культура, богемо-моравская культура, прикарпатская культура с ее вариантами, нижнерейнская культура или «культура кубков с утолщенным дном», приальпийская культура и т.д. Самые ранние датировки по данной культуре дают могильники Восточной Прибалтики (Перзеев, 2006). Нетрудно заметить, что там, где осели носители этой археологической культуры, и возникли впоследствии германские, кельтские, славянские и балтские (в будущем) народы. Конечно, за прошедшие тысячу-полторы лет до письменной фиксации кельтов и германцев, география расселения племён менялась, но опять же, не всех.

Культура боевых топоров включает в себя гаплогруппу R1a, субклад Z280. Его образование как раз попадает на начало 3 тыс до н.э., или 5 тыс лет назад. Точнее, субклад Z282 (образовался 5 тыс. лет назад) разошелся на Z280, M458 и Z284. Датировки основания последнего снипа составляют примерно 4500 л.н. (коридор погрешности между 3800 и 5200 лет назад, Клесов, 2015, Вестник Академии ДНК-генеалогии, №72). Этот субклад (Z284) представлен только в Скандинавии, а также частично по маршруту его следования из Скандинавии до Британских островов. Посмотрим статистику в странах Европы по содержанию «скандинавского» снипа Z284:

Australia	1
Belgium	2
Canada	3
Colombia	1
Czech Republic	1
Denmark	10
England	90
Estonia	1
Finland	36
France	4
Germany	14
Greece	1
Iceland	59
Lithuania	1
Netherlands	17
Norway	321
Poland	1
Portugal	1
Russian Federation	4
Scotland	128
Spain	2
Sweden	264
Switzerland	2
Ukraine	1
United Kingdom	39

Как мы можем видеть из археологических данных по Скандинавии, племена боевых топоров, освоив их территорию, жили достаточно долго обособленно от местного населения, но всё же постепенно смешавшись с ним, стали коренным населением Скандинавии к эпохе письменной фиксации. В любом случае их потомки практически незаметны в Европе, если говорить о современном гаплогруппном составе европейцев. Эти люди пришли, и никуда не ушли со Сканды, невзирая на лихорадку великого переселения народов.

Примерно в это же время, в начале 3 тыс. до н.э., образовались и другие субклады гаплогруппы R1a, это Z93 (в основном азиатский), и M458 (европейский). Возможно, процессы активной миграции населения и образования новых сипов связаны с Литориновой трансгрессией Балтийского моря.

**Этапы эволюции Балтийского моря в послеледниковое время**

Этап	Датировка, лет назад <sup>[5]</sup>
Балтийское ледниковое озеро	14000 — 11700
Иольдиевое море	11700 — 10700
Анциловое озеро	10700 — 9800
Мастогловое море	9000 — 8500
Литориновое море	8500 — 4000
современное Балтийское море	4000 — наше время

Есть данные о повышении уровня воды в пресных водоемах, разливах рек и наводнениях в Балтийском регионе, именно во времена образования культуры боевых топоров, которые, возможно, и заставили её носителей покинуть территории Южной Балтики, и двинуться на Русскую Равнину.

Какие выводы мы можем сделать из вышеизложенных фактов? Во первых, то что представители культуры боевых топоров сыграли значимую роль в этногенезе славянских, балтских, и скандинавских племён (См. об этом многочисленные работы Клёсов А.А., Вестник академии ДНК-генеалогии).

Во вторых, что носители культуры боевых топоров в данном регионе говорили на ИЕ языках, предковых для балтских и славянских. Именно этот период развития языков можно считать условно балтославянским единством. Возможно, общий диалектный ряд существовал и ранее, но пока это нельзя подтвердить археологически.

В третьих, именно в это время, учитывая датировки образования славянских субкладов Z280 и M458, и географию расселения племён боевых топоров, и происходит формирование ядра будущих славянских территорий в Восточной Европе.

К сожалению, малая статистика по палео-ДНК культуры боевых топоров не позволяет нам говорить о полном составе гаплогрупп её носителей. Поэтому мы не можем пока оценить её вклад в германские и кельтские народы. Не исключено, что частично она вошла и в них. По представлениям западных историков (озвученных в фильме BBC «Кельты»), предки кельтских племён обитали на венгерской равнине в 3

тыс. до н.э. Современные люди, говорящие на германских и кельтских языках, в основном являются носителями гаплогруппы R1b (в среднем в Европе их 60%). Пока мало что можно сказать о ситуации 5-тысячелетней давности. Единственно, что можно утверждать, что предки кельтов, германцев, и славян жили рядом. Миграция племён шнуровой керамики обязывала их осваивать речное и морское судостроение, и сопряженные с этим процессом новые направления. Таких, как определение частей света, ориентация в пространстве, в том числе и по звездному небу, формирование религиозно-геологических баз. Из археологических данных мы немало знаем о культово-религиозных особенностях «шнуровиков» (культ янтаря, тотемизм, шаманизм и тд.). Объективно говоря, такая большая и разноплановая культурно-археологическая общность, как культура шнуровой керамики, скорее всего была смешанной по составу гаплогрупп. Хотя образец палео-ДНК с гаплогруппой R1b найден там в единичном экземпляре, но на такой маленькой статистике это ни о чём не говорит.

География расселения нам показывает, что культурная общность, связавшая людей в археологическую культуру, не всегда подразумевает родовую общность. Смешанных археологических культур существует достаточно много, просто мы пока мало знаем об этом. Ни одна археологическая культура не исследована полностью на палео-ДНК её носителей. По крайней мере, неолит Европы показывает нам опыт существования неродственного населения, включая мигрантов с Малой Азии, под «крышей» одной археологической общности. Поэтому мы считаем, что часть шнуровой общности могла представлять и часть германских народов (старопрусский язык?), и войти в кельтские племена в 3 тыс до н.э. Это предположение ещё ждёт своего подтверждения, при накоплении достаточных статистических данных по палео-ДНК.

*(Примечание редактора – «кельтские племена» давностью 4000-5000 лет назад (то есть в 3-м тыс до н.э.) неизвестны. Никаких данных об этом в научной литературе нет. Есть предположения, ничем не подкрепленные. Понятно, что 5000 лет назад жили племена, которые в итоге, через 2000-2500 лет, явились предками кельтов, но на них не распространяется принятое название кельтов). В любом случае, говоря о кельтах 4000-5000 лет назад, надо давать четкие определения, кто они были такие, какие к этому есть археологические или лингвистические свидетельства, какие у них были в то время гаплогруппы-субклады. Без этого никакие предположения не являются «легитимными»).*

### **Часть 3**

Мы вплотную приблизились к теме данного исследования. Итак, в каких временных промежутках мы можем полагать развитие общих языковых, культурных и теологических факторов для кельтских, германских и балто-славянских племён? Мы считаем, что развитие и разделение ИЕ языка к 3-му тыс. до н.э. позволило всем его носителям иметь общие

тенденции в культурно-социологических аспектах. Для племён севера Восточной Европы, в связи с общностью ещё и природно-бытовых условий, количество общих параллелей должно было быть выше, чем у народов других климатических зон. Скорее всего, поэтому германские и балто-славянские племена были неразличимы для античных историков даже в начале нашей эры. Какая то часть основных, базовых понятий, особенно в теологической сфере, скорее всего, связывала и кельтские племена с выше перечисленными, благодаря близости и географической в том числе. Однако формирование языковых систем мы склонны перенести чуть позже, на середину 2 тыс. до н.э., что позволит приблизиться нам к традиционному взгляду лингвистов на образование пракеельтского языка, прагерманского и прабалто-славянского массива. И более уверенно говорить о ранней стадии формирования североевропейских племён. Ни у кого из лингвистов-славянистов не вызывает сомнения факт образования праформ славянских диалектов к середине 1 тыс. до н.э. Существуют мнения и о более ранней закладке предковых форм для славянских языков.

Теперь, проведя историческую ретроспективу, и яснее представляя общую картину, происходящую на севере и в центре Европы начиная с времён 3 тыс. до н.э., мы можем попытаться понять, что значили для вышеперечисленных племён значения слов Чёрный и Белый, которые в 1 тыс. до н.э. и позже, станут европейскими топонимами. Если исключить этимологию добра и зла, привнесённые уже христианством, самые ранние понятия для индоевропейцев были день и ночь соответственно, если исходить из семантики слов. Очень древний, ещё ПИЕ корень «bhe», белый, обозначал свет, сияние. А общеславянское чёрный – сыпь, чернота, тьму. Мы подробнее остановимся на этом, приведя выдержки из словаря. Итак, вполне логично, что день обозначал свет, сияние и белый цвет, а ночь темноту, черноту и пустоту. С другой стороны, мы знаем, что у многих народов цвет имел сакральные характеристики, и включал в себя ещё несколько понятий.

- У китайцев, например, он обозначал и стороны света, так же как у славян (Известно, что Червонной Русью называли юго-западные земли Киевской Руси, Черной – северо-запад современной Беларуси в пределах Гродненщины, землю покоренных ятвягов. Топоним Белая Русь изменял свое положение, но относился к западным землям и окончательно закрепился за современной территорией в позднем средневековье);
- У славян он обозначал богов: Белбог и Чернобог; Кришна у индусов (на санскрите слово кришна - कृष्ण означает «чёрный», «тёмный» или «тёмно-синий»);
- У саков и кельтов (Мурадова, 2010) он обозначал касты (варны), красная - воины, белая - жрецы, синяя (впоследствии зеленая) - земледельцы, ремесленники. У индийских локопал тоже сохранился этот рудимент, который проявился в цветах вахана, ездовых животных, символах божеств. У Индры (восток) - белый слон, у Ямы (юг) - черный буйвол, и

т.д. Известно, что раннесредневековый индуизм 'хорошо сохранился на индонезийском острове Бали. Неподалеку от главной вершины острова - вулкана Агунг - есть особые храмы, посвященные четырем сторонам света, сгруппированные вокруг центрального, который называется Пенатаран-Агунг. Восток символизирует белый храм, юг - красный, запад - желтый, север - черный. Кроме того, уже прямо на склоне вулкана, в другом храмовом комплексе, Пура-Пена-таран-Агунг, есть жертвенник в виде трех лотосов, соответствующих тронам трех главных индуистских богов - Брахмы, Шивы, Вишну. Причем трон Брахмы красный, Шивы - белый, Вишну - черный. Выходит, что Шива - покровитель востока, Брахма - юга, Вишну-севера. Впрочем, если быть точным, в санскритских текстах Шиве соответствует северо-восток, а север и юг «обеспечивают» не только Вишну и Брахма, но и менее известные у нас Кубера и Яма (Кривенков С., 2007).

Но так как первоначальное значение цветов черный и белый были день-ночь, а это календарные понятия, мы решили проверить календари северных европейцев. Существует письменно зафиксированный кельтский календарь, так называемый календарь из Колиньи (Франция), найденный на бронзовых пластинках в 1897 году. Пластинки датируют 1 веком до н.э., а сам календарь считается намного древнее. Это лунно-солнечный календарь. Мы расскажем только о тех аспектах, которые напрямую касаются темы данной работы. Проанализировав данные, стало понятно, что галльский календарь делил и месяц, и год, и более длинные периоды на две половины - темную и светлую. Именно в таком порядке, сначала темную, потом светлую. Свидетельства Цезаря этот факт подтверждают, что счёт галлы вели по ночам, и сутки у них начинались с ночи. Год начинался 1 ноября тоже с темного сезона. Весна начиналась 1 февраля, обозначая начало светлого сезона. Подобную систему у кельтов переняли и германцы, и скандинавы (Муратова, 2010).

По многим готским, древнесаксонским и другим источникам, германские земледельцы и скотоводы за точку отсчета времени принимали начало зимы или поздней осени. Они, как и другие народы северных широт, противопоставляли зиму лету и делили год на две половины. Англосаксонский летописец Беда Достопочтенный (VIII в.) начинал отсчет года с поздней осени (*vinterfylle*) и вел речь о полугодиях. То же деление мы находим и у Снорри Стурлусона (XIII в. — *haustmánuðr*). Линией раздела двух половин считалось равноденствие или, точнее, «равноночье» (древневерхнегерманское *ebennath*, англосаксонское *efenniht*, древнефризское *evennath*, древнескандинавское *jafndœgr*). В это время германцы совершали большие жертвоприношения. Впоследствии, по свидетельству римского историка Тацита (I в. н. э.), они перешли к трехчленному делению года (Шервуд Е.А., 1993). Есть данные, что у ранних славян деление года изначально тоже было на три половины. Что было до этого, мы не

знаем, предположим, что славяне перешли на трехмерное деление вместе с германцами. Это предположение, конечно, но основано оно на этимологии некоторых слов из славянского языка, которые косвенно подтверждают факт наличия подобного деления временных участков на темную и светлую половину.

Промежуточный вывод по главе. Календарное деление временных промежутков на чёрную (тёмную) и светлую (белую) половину существовал в 1 тыс до н.э. у кельтских, германских и скандинавских народов. Последние могли перенять эту систему у кельтов, а могли развить собственную из одного с кельтами ИЕ источника, коим является ИЕ язык. Славяне, точнее предки славян, входят в эту группу по умолчанию. Подробный разбор славянской лексики на эту тему в следующей главе.

#### Часть 4

В современной литературе можно встретить большое количество данных, относимых к этимологии слов чёрный и белый. Но все они, на наш взгляд, имеют недостаточную обосновательную базу. Мы же искали максимально научно обоснованные данные, на основании которых можно будет увидеть причинно-следственные связи. Потому что связи эти достаточно глубоки и разносторонни, и корнями расходятся далеко друг от друга. Для этой цели мы использовали Этимологический словарь славянских языков. Праславянский лексический фонд, под редакцией О.Н.Трубачёва (1977), который, по нашему мнению, отличается наиболее полным и глубоким исследованием славянских языков. Учитывались данные из словарей и других авторов (см. список литературы).

Начнём со слова *черный*. Облегчая читателю задачу, мы сразу выкладываем результаты семантического ряда, поясняя выдержками из словаря. Слово *черный* имеет семантическое родство на уровне ИЕ корней со следующими словами:

-Север.

север *сéвер* род. п. -а, диал. *сiвер* "северный ветер", арханг. (Подв.), тоб. (ЖСт., 1899, вып. 4, стр. 509), укр. *сiвер* "холод", др.-русск., ст.-слав. *сѣверь* (Остром., Супр.), болг. *сéвер*, сербохорв. *сјевер*, словен. *séver*, чеш., слвц. *sever*, др.-чеш. *sěver*. Родственно лит. *šiaurỹs*, вин. *šiaurį*, "северный ветер", *šiaurė* "север", *šiaurūs* "суровый, пронизывающий до костей (ветер)" (\**kēur-*), лат. *caurus* "северо-восточный ветер", гот. *skūrawindis* "ураганный ветер", д.-в.-н. *scūr* "ливень"; см. Траутман, BSW 303 и сл.; И. Шмидт, KSchlBeitr. 6, 149; Мейе, Ét. 410; BSL 25, 175; Мейе-Эрну 191 и сл.; Вальде-Гофм. 1, 190; Буга, РФВ 67, 245; Торп 466 и сл.; Зубатый, AfsI Ph 13,



623 и сл.; Фасмер, BoudouinowideCourtenay 81. Сюда же Сѣверь – область племени северян (Пов. врем. лет, часто), неподалеку от Чернигова, а также болг. племенное название Σέβερις в Мизии (Феофан 359; Нидерле, Slov. Star. 2, 2, 407). Этот этноним не имеет ничего общего с названием восточных саваров (Птолем.), вопреки Шафарику (Slav. Alt. I, 212), Маркварту (UJb. 4, 270 и сл.), Первольфу (AfslPh 7, 604), Файсту (WuS 11, 31), Туулио (Stud. Orient. 6, 148). До того, как вост. славяне распространились через Белоруссию до Новгорода, северяне были самым северным у них племенем. •• [См. еще Ниеминен, "Neuphil. Mitt.", 56, 1955, стр. 38; и сл. гипотезу о связи балто-слав. названий севера с и.-е. \*seu- "левый" см. у Эрхарта (SPFFBU, 6 (A 5), стр. 5 и сл. – Т.] Этимологический словарь русского языка. – М.: Прогресс М. Р. Фасмер 1964–1973

-Лево.

\*кѣршѣнь(ь): слов. диал. производное *kršnāvi* 'левый' (Orlovský. Gener. 151), в.-луж. *koršny* 'левый; левша' (Pfuhl 275), др.-русск. *коршина*, *кѣриня* ж. р. 'кулак' (Ж. Нифонта, 321. 1219 г. СлРЯ XI–XVII вв. 7, 351), русск. диал. *кѣриный*, -ая, -ое 'драчливый (о петухе)' (Элиасов 166), *кѣриень* м. р. 'удар кулаком' (смол., Филин 13, 111), *каршень*, *коршень* 'ласточка' (пск., там же), укр. диал. производное *корш'н'ак* '(о дереве, о человеке) низкий, но толстый' (Онышкевич 372), брл. диал. производное *каршиняк* м. р. 'ласточка' (Касьярович 156).

Прилаг., производное с суф. -ьнѣ от \*кѣрхъ (см.).

\*кѣрхъ(ь): ст.-чеш. *krchýj*, прилаг. 'левый' (Gebauer II, 143; Kott I, 815), диал. *krchí* то же (Malina. Mistř. 48), *krchā ruka* 'левая рука' (Bartoš. Slov. 163), *krchýj* 'левый' (только в соединении с *ruka* (Gregor. Slov. slavk.-bučov. 82), в.-луж. *korch* м. р. 'левая рука' (Pfuhl 273), русск. диал. *корх* м. р. 'горб' (смол.), 'кулак' (смол.), 'пригоршня' (?) (смол.), 'старая мера длины, равная приблизительно 9–10 см. — по ширине ладони, кисти' (ряз., влад., азов.) (Филин 15, 28; Опыт 90; Добровольский 347), *корх* м. р. 'коршун' (белг., Филин 15, 28), укр. *корх* м. р. 'мера длины в ширину ладони или в четыре пальца; щепотка (земли)' (Гринченко II, 288), брл. *корх* м. р. 'кулак, пядь'.

Как правильно указывалось, нельзя отрывать значения 'сжатый кулак; пригоршня, щепотка' и близкие, с одной стороны, и 'левый, левая рука' — с другой, причем значение 'левый' развилось из 'кривой' в духе оппозиции 'правый': 'левый' = 'прямой': 'кривой'. См., вслед за И. Немцем, Schuster-Sewc. Histor.-etym. Wb. 9, 624–625. Ср. весьма красноречивые свидетельства этимологий слова \*lěvъ (см.) и лит. *kairys* 'левый', и то, и другое — из первоначального 'кривой'. Более древний образ 'сжатый, скрюченный' для \*кѣрхъ явствует и из русск. диал. *корх* 'коршун' (выше) — по скрюченным когтям хищной птицы, что весьма перспективно и для производных названий \*кѣршакъ, \*кѣршинъ (см.): коршун сначала уносит добычу в сжатых когтях и лишь потом рвет ее клювом.

Дальнейшую реконструкцию \*кѣрхъ < и.-е. \*kṛso-, пожалуй, поддерживает родство с лит. *kuřsas*, *kuřsis* 'курш', этноним, из первоначального 'левый'. Таким образом, маловероятно объяснение из \*кѣрк-зо- (Bernker I, 667; ср. Фасмер II, 340).

Неубедительно допущение о метатезе \*кѣрхъ < \*кѣрха, ср. \*кѣрха (см.) (Б. В. Кобилянский «Мовознавство», 1972, № 3, 76–77). Не представляется вероятной и этимология из др.-булг. \*кѣрши 'пять; пядь' (И. Г. Добродомов. — Мовознавство 1973, № 5, 67–70). Маловероятно прямое родство с лтш. *kreiss* 'левый' (Гавлова у: Machek<sup>2</sup> 293).

## -Кривой, кривити

Слав. \**krivъ* этимологически тождественно лит. *kreivas* 'кривой, косою.' См. уже Miklosich 141 и предшествующие исследователи, ср. (с неприемлемыми деталями) С. Микуцкий Изв. ОРЯС IV, 2, 1855, 102. Балт. семейство родственных слов довольно богато, ср. сюда же еще лтш. *krails* 'косою, кривою, изогнутый', *krèiss* 'левый', далее — лит. *kairas, kairias* 'левый' (если из \**krair-*, \**kreir-*). См. E. Frenkelis. Baltų kalbos. Vilnius, 1969, 98; Fraenkel I, 203; G. S. Lane — Language XI, 1935, № 3, 195. Значение 'левый' в этой семантической иерархии не

следует переоценивать, оно всегда вторично — и в отмеченных балт. примерах, и в ю.-слав. диал. случаях \**krivъ* 'левый' (болг., сербохорв., см. выше). Во всяком случае нет оснований причислять эти слав. случаи развития значения 'левый' к архаизмам. Об эволюции 'левый' < 'кривой' ср. Berneker I, 715, s. v. *lèvъ*. Замечательны отношения рифмы лит. *kreivas* 'кривой, косою' — *šleivas* 'кривоногий' (F. A. Wood. Rime-words and rime-ideas. — IF XXII, 1907, 144), а также выделяемое при этом наличие в лит. *kreivas* и в слав. \**krivъ* весьма древнего суффикса, прослеживаемого и в других сравнимых случаях, в том числе — в синонимичном лат. *curvus*, далее — в слав. \**pravъ* (см.), \**lèvъ*, \**rvъ* (см. s. v.). Все они имеют вид древних первичных производных с и.-е. формантом *-uo-*. См. Meillet. Études II, 363 и сл.; Berneker I, 618; Мейе. Общеслав. язык 281. Архаичность адъективной словообразовательной модели на *-uo-* особенно видна на примере лат. *curvus* 'кривой, изогнутый', собственно \**kruo-s*, произведенного непосредственно от нулевой ступени нерасширенного и.-е. \*(*s*)*ker-* 'крутить, гнуть' (ср. Walde-Hofm. I, 317). Если не забывать об относительной хронологии словообразования, то и.-е. диал. *krei-uo-s*, которое продолжается в слав. и балт. обозначениях кривого (Траутманн прямо их зачисляет в балтослав., см. Trautmann BSW 140—141), представляет собой производное на *-uo-* от более младшей стадии корня — расширенного \**kr-ei-* или \*(*s*)*kr-ei-*. Однако важно, что и это расширенное \**krei-uo-*, слав. \**krivъ*, является и.-е. наследием, т. е. архаизмом, а отнюдь не новообразованием славянского. Это надлежит помнить, даже признавая проблематичность дальнейших и.-е. соответствий слав. \**krivъ*, лит. *kreivas*, например глоссовое *κροῖός* = *κροῖός*, *ἀσθενής* (Гесихий), см. о нем Frisk II, 22; P. Kretschmer Glotta VII, 1916, 353 (вслед за Ф. Сольмсеном); см. сомнения: P. Persson IF XXXV, 1915, 199 и сл. (цит. по: JФ III, 1922—1923, 214).

-Крыло, круговое движение, движение по кругу(глагол)

их следов. Напротив, постоянна семантическая характеристика 'кривой, скрученный, загнутый', поэтому мы можем считать исходным только и.-е. *\*(s)krei-* 'крутить, гнуть'. Сложность дела в том, что, как мы понимаем, и.-е. *\*(s)krei-* 'резать, разделять' и *\*(s)krei-* 'крутить, скручивать' этимологически едины, как и их значения, но в таких случаях огромную важность приобретает учет дистанции, в том числе хронологической, и реальной иерархии форм. И.-е. *\*kreiwo-s*, слав. *\*krivъ* образовалось уже от четко выделившегося *\*(s)krei-* 'крутить, гнуть', и мы не вправе произвольно расширять круг конкретно родственных форм. Между прочим, довольно реальное (непосредственное производящее) праслав. *\*kriti* мы уже упоминали выше, при разборе *\*kridlo*/вар. *\*skridlo* (см.), и это было не *\*kriti* 'резать', а *\*kriti* 'летать кругами, кружить', что подводит нас к тому же и.-е. *\*(s)krei-* 'крутить, гнуть', что и в *\*krivъ*. См. Pokorný I, 936.

См. еще Brückner 276; Фасмер II, 376; Otrębski. *Studia indoeuropeistyczne* 24; Sławski III, 252 и сл.; Machek<sup>2</sup> 301—302 (детали толкования неприемлемы); Skok. *Etim. rječn.* II, 200—201; Bezlaž. *Etim. slovar sloven. jez.* II, 94; БЕР III, 5—7; Schuster—Šewc. *Hist.-etym. Wb.* 10, 702—703.

Итак, семантической основой для выше указанных понятий явился ИЕ корень *\*(s)krei* со значением крутить, гнуть, и развившемся из этого понятие движение по кругу (далее летать, крыло). Станет намного понятнее, если связать это движение с движением солнца по небосводу. Если исходной точкой является восток, восход солнца, то движение с востока на запад является правильным, частью видимого мира. А движение солнца с запада на восток, которое древние люди относили к невидимому, подземному миру, является не правильным, кривым, левым, севером и характеризуется черным цветом. Таким образом, если смотреть на восход солнца, слева окажется север, со всеми вытекающими значениями: холод, тьма, плохая погода, ветра, черный свет. Кривити - соответственно это движение налево, на север. Этот очень древний семантический ряд известен всем европейским северным языкам. Он образовался ещё до выделения как таковых славянских и германских, и кельтских языков. Интересно, что Трубачёв говорит о том, что не существовало древнего слова со значением чёрный по причине его табуирования. Само слово чёрный уже общеславянское.

реки, из прусск. субстрата); W. Porzeziński *RS* IV, 1911, 6; A. Meillet *RÉS* VI, 1926, 172; Он же *BSL* 28, 1927, 45—46 (обращает внимание на отсутствие древнего слова со знач. 'черный' в большинстве и.-е. языков, видимо, по мотивам табуистич. запрета); Trautmann *BSW* 134-135; Otrębski. *Studia indoeuropeistyczne* 165

Глубока в истории развития языка и указанная оппозиция правый-левый: прямой-кривой. Есть и такая версия, связывающая север и чёрный цвет: «Многие исследователи, в том числе А.В. Подосинов (1999, 371), указывают на возможность связи слова север с цветовыми обозначениями, прежде всего с черным цветом. По этой теории в слав. Север представлении корень *\*s er-* 'darken (either by making red or black)' (Mallory & Adams 1997, 147; ср. Bailey 1976, Pokorný 1989, 1052 - *\*sordo-s*

‘schwarz, schmutzfarben’, Watkins 1985, 68 swordo-). Связь между обозначениями стран света и цветовыми названиями известна во многих культурах Евразии, где, как правило, выступают соответствия север – черный цвет, юг – красный цвет, запад – белый цвет (Подосинов 1999, 378). Возможным примером такой связи в славянских языках является, как известно, название Белоруссия/Беларусь, которое вместе с другими «цветовыми» названиями частей Руси (Черная, Красная Русь) неоднократно обсуждалось в научной литературе.

Преждем к этимологии слова белый, и его семантическому ряду. Слово белый, и его предковый ИЕ корень намного древнее вышеприведенного ряда. Его семантику выявить гораздо сложнее. Укажем несколько примеров.

- Соотносительно ИЕ лингвистического родства

Праслав. \**bělъ* довольно близко к реконструируемому кельт. \**belos* ‘светлый, блестящий’, ср. галльск. *Belenus*, эпитет Аполлона (см. W. Prellwitz ВВ XXII, 1897, 80; Pokorny I, 119), однако существенно отличается от него количеством гласного. Видимо, этим объясняется особая популярность сближения слав. \**bělъ* с др.-инд. *bhālam* ‘блеск’, с долготой в корне (Berneker I, 56; Pokorny I, 118; Фасмер I, 149; Vaillant. Gramm. comparée II, 2, 609 и др.). Но др.-инд. *bhāla*- ср. р. ‘лоб, бровь’, в эпиграфике также ‘блеск’, засвидетельствовано поздно, представляет собой слишком отчетливое индийское производное *bhā-la-* от др.-инд. *bhāti* ‘светит, блестит’ (т. е. к и.-е. \**bhā-*, с кот. слав. слово связано лишь опосредствованно), чтобы быть прямо соотносимым с \**bělъ* как историческое тождество (см. Monier-Williams M. A Sanskrit-Engl. dictionary. Oxford, 1964, 754; Maughofer II, 496–497). В свою очередь, слав. \**bělъ*, кот.,

Установив, что слав. \**bělъ* < \**belo-*, мы с полным основанием возвращаемся к отождествлению слав. формы с кельт. *belos* (выше). Этот древний вокализм в большинстве других языков оказался перестроенным, ср. греч. φαλός·λευκός (Гесихий), φαλόνει·λαμπρόνει, φαλιός 'светлый' (Boisacq<sup>4</sup> 1013—1014; Hofmann 391; E. Fraenkel LP 3, 1951, 117; он же «Glotta» 35, 1956, 88). Ср. сюда же — из кельт. языков — кимр. *bal* 'с белой мордой (о животных)', брет. *bal* 'белое пятно на лбу (у лошади, коровы, собаки и т. д.)', догреческое βαλιός 'φαλιός, λευκός' (F. Solmsen. Thrakisch-Phrygisches. — KZ XXXIV, 1897, 75; V. Georgiev. Die Träger. . . 96; Он же. Vorgriechische Sprachwissenschaft I. Sofia, 1941, 80; Van Windekens. Le pélasgique. Louvain, 1952, 75), макед. Βάλλα < \**Val-ja*, Βάλας, имя собств. (V. Georgiev. La toponymie ancienne, 25), алб. *ballë* 'лоб', калабр. *bálaku* 'левкой' (т. е. 'белый цветок'), иллир. происхождения, ср. мессап. *Balakrahihi*, макед. имя собств. Βάλακρος (E. Çabej «Glotta» 25, 1937, 53). Сюда же относит Дечев первый компонент фрак. Βελε-δίνια, *Bele-sarius*, *Beli-sarius* (D. Detschew. Die thrakischen Sprachreste. Wien, 1957, 49). Как родственное слав. \**bělъ* анализирует Дуриданов местн. н. *Балша* (Македония), *Balša* (Румыния), фрак. происхождения, из \**Bal-issa* (И. Дуриданов «В чест на акад. Д. Дечев» 162). См. еще относительно догреч. βαλιός — Frisk I, 214.

К числу и.-е. форм, родственных слав. \**bělъ*, принадлежит также, по-видимому, арм. *bal* 'туман', о кот. см. G. R. Solta. Die Stellung des Armenischen. . . (Wien, 1960) 31 и след.; Г. Б. Джаукян. Очерки по истории дописьменного периода армянского языка 71.

Особого замечания требуют балт. формы. Лит. *bālas* 'белый'; лтш. *bāls*, *bāls* 'бледный, блеклый' могут продолжать только и.-е. \**bholo-*, ср. лат. *fulica* < \**bholikā*, о кот. см. на \**bēlica* (выше). Можно говорить лишь об апофонии \**bhel-*, \**bhol-* на и.-е. уровне, это рано нарушенное чередование сохраняется в остаточных следах, причем славянский обобщил \**belo-* (см. выше), неизвестное балтийскому, а балтийский — \**bolo-*. Лит. *bāltas* 'белый' < \**bolətos*, ср. и акут лит. слова (первонач. причастие, ср. гл. *bālti* 'белеть, бледнеть'). Сюда же др.-прусск. *ballo* 'лоб' (чтение установлено вместо ошибочной записи *batto* в так наз. Эльбингском словаре № 77, ср. фотографическое издание в кн.: «Prūsų kalbos paminklai» parengė V. Mažiulis. Vilnius, 1966, 60). См. Trautmann BSW 29—30; Fraenkel I, 32 (с литер.); Pokorny I, 119.

- Соотносительно топонимики и частей света: Белград, запад

\**bělъgordъ*: сербохорв. *Бедград*, *Бидград* 'Белград' (RJA: с XIII в.), чеш. *Bělohrad* м. р., курортный город в Чехии, др.-прусск. *Бѣльгород* (. . . Володимѣрь заложи гра<sup>ѣ</sup> Бѣль. . . люба городъ црь. Ип. л. ок. 1425 г., л. 45 об.—46; Скопи отъ нихъ лютымъ звѣремъ въ пльночи, изъ Бѣла-града. . . Сл. о плк. Иг. — Карта тека СДР), русск. *Бѣлгород*.

Сюда можно еще добавить поморск. *Białogard*, затем *Bälgrad* на Мароше, в Румынии, а также *Biograd* на тогу, в Хорватии. Ясно, что перед нами — сложение \**bělъgordъ* из имени \**gordъ* (см.) и определения — прилаг. \**bělъ* (см.). Конкретный смысл употребления \**bělъ* 'белый' в данном древнем контексте, однако, недостаточно ясен, возм., прав Скок, видя здесь указание на связь с водой (все населенные пункты с названием \**bělъgordъ* расположены над водой). См. подробно «Słownik starożytności słowiańskich» I, 101: *Bělъgordъ* (редакционная статья). Ср., впрочем, указание на функцию определения \**bělъ* как постоянного эпитета со знач. 'прекрасный' в народной словесности, ср. сербохорв. *bijeli grād* и т. д., см. Sadnik—Aitzetmüller. Vgl. Wb. 2, 130. Наконец, нужно иметь в виду возможность употребления цветообозначения 'белый' как названия страны света 'западный', см. в последнее время О. Н. Трубачев — ВЯ 1974. № 6. 51.

- Соотносительно семантической близости.

На основании этих исключительно серболуж. свидетельств мы восстанавливаем особое праслав. слово, лексический диалектизм ограниченного распространения. Ср. уже Verneker I, 39: *bajq, bajati* 2, кот. сближается там с др.-инд. *bhāti* 'светит, блестит, сияет', греч. φαίνω 'показывать', прил. *bān* 'белый'. См. еще Rokogny I, 104; Трубачев «Славянское языкознание (V Междунар. съезд славистов)» (М., 1963) 187. Однако Бернекер неправ, когда он до конца разделяет праслав. *\*bajati* I 'говорить' и *\*bajati* II 'гореть, тлеть, мерцать' и считает неродственными также породившие их и.-е. основы. Несостоятельны также его указания на особые аблаутные отличия и.-е. основы со знач. 'говорить' от и.-е. основы со знач. 'светить'. Достаточно обратиться к материалам словаря Покорного (кот., правда, сам не говорит о связи обеих основ), чтобы увидеть, что и та и другая и.-е. основа имеет ступени *\*bhā-* и *\*bhō-*. Мы считаем обе группы слов этимологически родственными на и.-е. уровне, о чем говорят и другие семантико-

этимологические аналогии, ср. *\*sverkati: \*svrčati* и др. Разграничение, имевшее следствием выделение особых праслав. *\*bajati* I и *\*bajati* II, наметилось еще в дослав. период. Здесь уместно вспомнить, что еще Бак придерживался мнения о тождестве и.-е. *\*bhā-* 'говорить' и др.-инд. *bhā-* 'светить', греч. φαίνω (C. D. Buck. *Words of speaking and saying in the Indo-European languages.* — *AJPh* XXXVI, 1915, 127), причем он представляет себе развитие знач. как 'делать ясным' > 'говорить'. Мы склонны выводить все из синкретической ономапии.

Из вышесказанного мы можем почерпнуть связь в славянских языках значения белый и запад (Трубачёв), а так же связь ИЕ корня говорить с древне-индийским светить. Это важный момент. Исходя из наличия оппозиции, мы можем предложить цепочку для понятий левый-кривой-говорить неправду = правый (правити), движение направо, говорить, правильно говорить. Можно привести пример из болгарского языка, где направо на русский переводится как прямо, а исходная семантика означала правильное движение. Если первую линию мы можем продолжить, присоединив понятие север и чёрный, то второй соответствует понятию белый цвет и направление с востока на запад, движение по кругу, либо запад. Этот сложный семантический ряд вероятно развивался постепенно, и большинство ветвей ИЕ языка сохранили в себе его следы.

Именно в славянских языках мы видим соотношение белого цвета чаще с западом. Интересно, что противопоставлением северу не является юг, как принято в современности. Это видно и по цветовой гамме, юг чаще обозначают красным цветом, и он не является антагонистом черного севера. Это говорит о большой роли движения солнца и луны в древних календарях. Но мы имеем пока слишком мало исторических данных, чтобы говорить о твердой закономерности для белого цвета. Слово чёрный, как более молодое в звене развития ИЕ языка, и соотносимое уже с общеславянским, имеет более просматриваемую этимологию, и может быть более уверенно связано с понятием север и лево.

Для других языков, германских, скандинавских, кельтских нужно проводить отдельные этимологические исследования. Хотя и в германских чётко просматривается связь север - черный цвет. В этой связи нельзя не упомянуть славянских богов Чернобога и Белобога, которые имеют ту же семантику. Наличие их в славянском лексиконе исторически засвидетельствовано многократно (Гельмольд и др.). Отдельно стоит выделить сообщение В. Татищева, в которых он указывает, что Чернобог был добрым богом. Это единственная подобная трактовка, традиционно считается наоборот:

*«У них же были Бел [Белый] бог злой, Черный бог добрый. Гельмольд, кн. 1, гл. 53, Кранций, Вандалия, кн. III, Сверх сего у разных писателей древних разные боги имен славянских имеются и, не упоминая других, здесь тех покажу, которых германин Гедерих в его Лексиконах древностей и мифологическом (49) объявил; он многих изображения, вид и украшения описал, что я здесь, как неуместное, опушу, но в Лексиконе точно покажу, а здесь только кратко упомяну.*

*Абелию, бог галлиев, думаю, не испорчено ль из Белы или из Велии, а к тому А приложено; галлы же были славяне, гл. 33, Бел бух, правильно Бел бог, выше указан. Беленус, бог нориков. Это имя из Бел испорчено. Зерни бог, вместо Черный бог, добрый, смотри выше.» («История Российская. Часть 1»; «От скифов до славян. История Российская во всей ее полноте).*

На сегодняшний день сохранилось не так много свидетельств по этим богам, и мы очень слабо представляем себе их функции. Приведём несколько для примера:

В «Славянской хронике» Гельмольд описал ритуал, связанный с Чернобогом у современных ему западных славян: *«Есть у славян удивительное заблуждение. А именно: во время пиров и возлияний они пускают круговую жертвенную чашу, произнося при этом, не скажу благословения, а скорее заклинания от имени богов, а именно, доброго бога и злого, считая, что все преуспевания добрым, а все несчастья злым богом направляются. Поэтому злого бога они на своем языке называют дьяволом, или Чернобогом, то есть черным богом.»* Здесь мы видим уже следы христианской оценки событий (Прим. автора).

Далее, *«Судя по уцелевшим географическим названиям и народным преданиям, вера в Белобога и Чернобога была некогда общей у всех славянских племен и отчасти сохранилась даже после прихода христианства. По рассказу Густинской летописи (1070 г.), старинные волхвы были убеждены, что «два суть бози: един небесный, другой во аде». Бессарабские переселенцы на вопрос, исповедуют ли они христианскую веру, отвечали: «Мы поклоняемся истинному Господу нашему – белому Богу».* Густинская летопись, к сожалению является достаточно поздним свидетельством, XVII век (прим. автора).



Легенда о двух богах сохранилась в землях войска Донского. Казаки полагали, что Беляк и Черняк — братья-близнецы, которые вечно следуют за человеком и записывают его дела в особые книги. Добрые «регистрают» Белобог, злые — его брат. Ничего невозможно скрыть от их пристальных взоров, но, если покаяться, то запись о плохом деле поблекнет, хотя и не исчезнет совсем, — ее должен прочитать Бог после смерти человека. В скорбный час братья становятся видимыми, и тогда Белобог говорит умирающему: «Делать нечего, сын dokonчит твои дела». А Чернобог всегда мрачно добавляет: «И ему тоже не все удастся доделать». Близнецы сопровождают душу на Том свете до Суда, а потом возвращаются на землю, чтобы сопровождать следующего новорожденного до его кончины (Блог Энмеркара, 2009)».

Как видно из вышесказанного, очень мало что можно сказать о функции этих богов. До нас дошли свидетельства либо искаженные христиански мировоззрением, либо уже в составе народных легенд. Единственное что сохранено, так это дуализм, который заложен еще в этимологии цветовых обозначений. Мы считаем, что Чернобог и Белобог могли нести в себе кроме правильного и неправильного еще и пространственные функции (лево-право, север-запад(?)), совмещенные с охранными (оградительными) свойствами, если применить их к топонимам. Для более четких выводов пока не хватает детального исследования сути и функции вышеперечисленных богов. То же касается и индийского бога Кришны. Имя его сохранило ИЕ семантику.

**\*čьrnota:** болг. *чернотá* ж. р. 'чернота' (БТР), сербохорв. стар. *Črnota* м. р., личное имя собств. (с XIII в.; в лат. документе XI века: *Cirnotta*, RJA I, 847), словен. *črnóta* ж. р. 'чернота', (Plet. I, 114), чеш. *černota* ж. р. 'чернота; темнота', словц. *čiernota*, *černota* ж. р. то же (SSJ I, 209), др.-русс., русск.-цслав. *чьрнота*, *чрьнота* 'чернота, черный цвет' (Изб. 1073 г., Срезневский III, 1562), русск. *чернотá* ж. р., блр. *чарнатá* ж. р. 'чернота'.

Производное с суфф. *-ota* от прилаг. \*čьrnъ (см.). Несмотря на поздний характер свидетельств о др.-инд. *kṛṣṇatā* ж. р. 'чернота' и прочие сомнения (см. J. Wackernagel. *Altindische Grammatik*. Bd. II, 2. *Die Nominalsuffixe*, von A. Debrunner. Göttingen, 1954, 616; Maughofer I, 264), параллелизм образования этих производных от этимологически тождественных *kṛṣṇá-* и \*čьrnъ с тождественными суффиксами и тождественным производным знач. всё-таки любопытен.

Более того, в Махабхарате он всегда упоминается в паре, как характерная дуалистическая сущность. Либо с братом Баларамой (бала-сила, санскр.), хотя имя Баларама не исключает первоначальную семантику белый (Прим. - мнение авторов). В иконографии Балараму почти всегда изображают со светлой кожей, в противоположность его брату Кришне, которого обычно показывают с кожей тёмно-синего или чёрного цвета. Либо с Арджуной, имя которого в переводе напрямую



означает светлый. Мы знаем как минимум о двух редакциях Махабхараты, поэтому сложно предположить изначальное состояние Кришны и остальных героев. В этом плане очень перспективно исследование топонимов самых архаичных текстов эпоса, таких, как Араньякапарва (Лесная книга) на наличие черных и белых топонимов. Мы считаем, что имя Кришна является архаизмом, еще индоевропейского происхождения, имя ввиду его предковость для санскрита. Но этот вопрос тоже требует тщательного изучения, причем на языке оригинала.

Существует ещё одно средневековое свидетельство, о котором следует упомянуть в связи с именами Чернобога и Белобога. Немецкий славист Райхнольд Траутман, исследователь славянской топо- и гидронимии восточной Германии, в одной из своих работ приводит сразу четыре южнобалтийских топонима, восходящих к именам славянских богов (R. Trautmann - Die Elb- und Ostseeslavischen Ortsnamen, Teil 2, 1949).

Prohn - деревушка под Штральзундом, впервые упоминается в 1302 году как Perun

Prohnstorf - деревня под Любеком, впервые упоминается в 1199 году как Perone

Belbuck - бывший населённый пункт и монастырь в польском Поморье, впервые упоминается в 1229 году как Bealbug

Swaroschin - населённый пункт под Гданьском, первое упоминание в 1305 году как Swarozina.

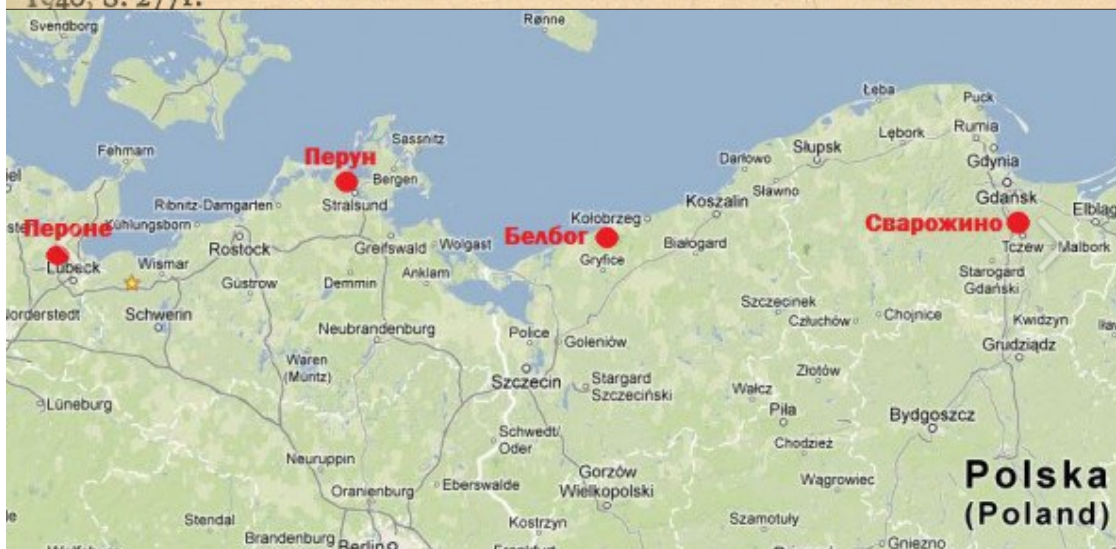
Übermenschliche Beziehungen offenbaren sich in folgenden ON.:

*Prohn* Kr. Franzburg (Perun 1302 PUB. 4, 41, Pyron 1242 ib. 1, 317 Or., Pyron 1278 ib. 2, 375, de Perun 1310/12 2. Stralsunder Stadtb. Nr. 43/58/132) und v. *Perone* 1199 UBL. 23, dann Peronisdorp 1278 ib. 263 Or., h. *Pronstorf* Kr. Segeberg, beides aus altem \*Perunъ zum skr. FIN. Perun neben po. v. Piorunów WW. 2, 19 zum Götternamen aru. Perunъ (als ZN. ačech. Perun Mikl. 295) s. Niederle, Živ. II, 1, 93/105.

*Swaroschin* Kr. Dirschau (Swarozina 1305 Perlb. 564 Or., de Swarosina/Swarosino 1305/9 ib. 567 Or., 591 Or. und 1342 Swaroschyn Zs. 68, 34) aus altem \*Svarožino zum aru. Götternamen Svarog und Svarožič Niederle, Živ. II, 1, 105 und 133 (polb.-pomoran. Zuarasic); E. Wienecke, Untersuchungen zur Religion der Westslaven (1940), S. 260 (m. Lit.).

Man darf annehmen (?), daß in zwei Ortsnamen zwei einander feindlich entgegengesetzte Lebensprinzipien in zwei Götternamen fortleben (Niederle, Živ. II, 1, 159f): auf Usedom lag einst die villa *Liutebug* 1267 PUB. 2, 179 Or. (Luthebug 1265 ib. 2, 127; 1434 Lutebuk Kloster Pudagla Or. 230); daneben

*Belbuck* Kr. Greifenberg (Bealbug 1229 PUB. 1, 208 Or., Belbog 1217/52 ib. 1, 133/430 Or., Belboch 1216 ib. 1, 128) vgl. Lorentz, Mitt. d. Vereins f. kaschub. Volkskunde, 1, 1908, S. 19, Niederle ib. S. 160f, Wienecke, Untersuch. z. Religion der Westslaven, 1940, S. 277f.



Датировки вышеуказанных событий совпадают с временами миграции славянских племён Русской Равнины и освоения ими северных земель, соответственно и формирования топонимов Чёрный - Белый, -ая. Сюда же мы относим и популярность имен Чёрный, Черныш среди славянского населения Восточной Европы 13-го века.

мон. ок. 1400 г.) (Срезневский III, 1562—1564), также личное имя собств. *Чернои*, *Чръный* (XIII в., Тупиков 481), русск. *чёрный*, -ая, -ое 'самого темного из существующих цветов, цвета сажи, угля', 'отличающийся относительной темнотой окраски', укр. *чёрний*, -а, -е 'черный', 'грязный' (Гринченко IV, 470), блр. *чёрны* 'чёрный'.

И даже в скандинавских сагах, датированных примерно 13-м веком, находим имена собственные: «Сага о Хальдване Черном», а так же

«Хальдван Чёрный» и «Хальдван Белый» (Сага о Харальде Прекрасноволосом, По кругу земному). Такая странная популярность языческих богов и «цветных имён» к 13-му веку, уже христианскому времени, маловероятно может считаться совпадением. Скорее всего, речь идёт о наличии у Чернобога и Белобога характеристик из разряда право, правильно, правда и неправда, ложь, искривление, кривда соответственно (а так же лево и право при упрощении). Роль этих понятий в раннем средневековье подразумевается немаловажной, учитывая формирование государственности и правовых аспектов.

Основным выводом по данному исследованию будет следующее положение. Топонимы с названием Чёрный и Белый, -ая, на территории Русской равнины связаны с миграцией славянских племён раннего средневековья. Этимологическое значение на данном этапе не может быть достоверно подтверждено без письменных источников. Но лингвистический анализ имён чёрный и белый, позволяют говорить о существовании семантического ряда для Чёрных топонимов со смыслом левая граница и север, для Белых правая и запад. Так же считаем соотносением этих имён с Чернобогом и Белобогом вполне вероятным, напрямую либо опосредованно. Рекомендуем исследовать это направление.

## **Заключение**

1. В данной работе было установлено наличие системы в расположении и количества гидронимов с названием Чёрный и Белый на территории РФ. Для этих целей использовалось картирование и применение коэффициента частоты (Кч). Учёт вёлся по бассейнам рек. Удалось выяснить, что для большинства бассейнов характерно наличие гидронимов и с Белыми и с Чёрными названиями, либо отсутствия и тех и других. Чёрных в три раза больше, чем Белых, то есть на 3 Чёрных реки в исследуемом водном бассейне приходится 1 Белая. Это позволяет говорить о наличии дуалистической (антагонистической) этимологической системы, что расширило интерпретационную базу, ранее предложенную исследователями
2. Данные топонимы чётко коррелируют со славянским языком, и как следствие, с миграцией славянских племён на север и запад Русской Равнины.
3. Анализ подобных топонимов Европейских стран позволил выявить народы, применяющую ту же систему чёрный-белый. Ими оказались кельты, германцы, балты и славяне.
4. Лингвистический анализ показал наличие этиологических и семантических связей в ряду : изгибать - гнуть, движение по кругу, кривить, говорить неправду, лево (налево), север, чёрный, и белый, запад - для славянских языков. Ядром явились реликты, сохранившиеся на уровне разделения ИЕ языка. Право (исходн. форма правити) и лево

(исходн. форма кривити) возникли как антагонисты, что повлекло за собой соучастие понятий север-запад, черный-белый. Сопряжены эти процессы словообразования были, скорее всего, с развитием географических навыков при миграции предковых племён как славянских, так и остальных выше перечисленных (кельтов, германцев, балтов).

5. Подобные миграционные процессы, повлиявшие на словообразование у предковых племён славянских, кельтских, германских и балтских могли происходить в 3- начале 2 тыс. до н.э., в среде археологической культуры шнуровой керамики, и контактирующих с ней племён. Участие данной археологической культуры в этногенезе предков славян можно считать доказанным.

6. Считаю перспективным направлением детальное исследование функций славянских богов Белобога и Чернобога, для выявления семантического ряда, обуславливающего данные имена, и как следствие семантики наличие у них «географических», либо «оградительных» функций, которые могли бы сказаться на посвящении им топонимов. В данный ряд можно поставить и индийского бога Кришну, который несёт в своем имени яркую ИЕ семантику и соответственный дуализм в образе.

### *Литература*

Васильев В.Л. Проблематика изучения гидронимии балтийского происхождения на территории России. Новгородский гос. университет им. Ярослава Мудрого

<https://revije.ff.uni-lj.si/linguistica/article/viewFile/6308/6036>

Древняя Русь в свете зарубежных источников: Хрестоматия/ Под ред. Т.Н.Джексона, И.Г.Коноваловой и А.В. Подосинова. Том 5: Древнескандинавские источники. М., 2009

А. Клёсов и И. Рожанский. Субклад R1a1a7-M458 – популяции, география, история.

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии Том 2, № 7 2009 декабрь

Перзеев. Н. И. Уральская прародина, форум, 2006

<http://aluarium.net/forum/thread-86.html>

Кривенков С. Какого цвета стороны света? 2007

<http://www.orgdosug.ru/pub.php?cid=322&pid=3390>

Мурадова А. Кельты анфас и профиль, М., 2010.

Нидерле Л. Славянские древности. М.: Новый Акрополь, 2010

Пространственная топонимия, 2014

[https://studopedia.ru/3\\_49375\\_prostranstvennaya-toponimiya.html](https://studopedia.ru/3_49375_prostranstvennaya-toponimiya.html)

Саенко, М.Н. Инновации в прабалтийском и праславянском списках Сводеша как аргумент в споре о балтославянском единстве. Вопросы языкового родства, № 12 (2014).

Татищев.В.Н. История Российская, книги 1-5, М., 1768-1848

Энмеркар. Гностический и языческий дуализм, 2009, блог Энмеркара  
<http://www.enmerkar.com/mag-us-way/gnosticheskij-i-yazycheskij-dualizm>

Этимологический словарь славянских языков. Праславянский лексический фонд. Под ред. Трубачева О.Н. ИРЯ РАН 2007–2012.  
<http://etymolog.ruslang.ru/index.php?act=essja>

Шервуд Е. А. Календарь у древних кельтов и германцев // Календарь в культуре народов мира: Сборник статей. – М.: Наука. Издательская фирма «Восточная литература», 1993.

## Приложение 1

		Всего	рек без названия	река "Белая"	река "Черная"	частота "бел"	частота "чер"
<b>1</b>	<b>Балтийский бассейновый округ</b>	<b>1868</b>	<b>77</b>	<b>5</b>	<b>38</b>	0,003	0,021
1.1	Неман и реки бассейна Балтийского моря	125	15	0	0	0,000	0,000
1.2	Нарва (российская часть бассейна)	381	27	1	16	0,003	0,045
1.3	Нева (включая бассейны рек Онежского и Ладожского озера)	1294	29	4	22	0,003	0,017
1.4	Реки Карелии бассейна Балтийского моря	68	6	0	0	0,000	0,000
<b>2</b>	<b>Баренцево-Беломорский бассейновый округ</b>	<b>1573</b>	<b>652</b>	<b>5</b>	<b>12</b>	0,005	0,013
2.1	Бассейны рек Кольского полуострова, впад. в Баренцево море	506	234	0	3	0,000	0,011
2.2	Бассейны рек Кольского п-ова и Карелии, впад. в Белое море	1067	418	5	9	0,008	0,014
<b>3</b>	<b>Двинско-Печорский бассейновый округ</b>	<b>8815</b>	<b>2338</b>	<b>16</b>	<b>63</b>	0,002	0,010
3.1	Онега	373	21	0	2	0,000	0,006
3.2	Северная Двина	3354	413	8	32	0,003	0,011
3.3	Мезень	899	288	1	10	0,002	0,016
3.4	Бассейны рек междуречья Печоры и Мезени, вп. в Баренцево м.	591	179	1	5	0,002	0,012
3.5	Печора	2633	851	6	11	0,003	0,006
3.6	Бассейны рек междуречья Печоры и Оби, впад. в Баренцево м.	441	179	0	1	0,000	0,004
3.7	Бассейны рек о. Новая Земля	524	407	0	2	0,000	0,017
<b>4</b>	<b>Донской бассейновый округ (Дон, российская часть бассейна)</b>	<b>1148</b>	<b>212</b>	<b>4</b>	<b>7</b>	0,004	0,007
<b>5</b>	<b>Кубанский бассейновый округ</b>	<b>314</b>	<b>33</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	0,004	0,000
5.1	Реки бассейна Азовского моря междуречья Кубани и Дона	4	1	0	0	0,000	0,000
5.2	Кубань	223	31	1	0	0,005	0,000
5.3	Реки бассейна Черного моря	87	1	0	0	0,000	0,000

<b>6</b>	<b>Западно-Каспийский бассейновый округ</b>	<b>625</b>	<b>121</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	0,006	0,008
6.1	Бессточные районы междуречья Терека, Дона и Волги	76	7	0	0	0,000	0,000
6.2	Реки бассейна Каспийского моря междуречья Терека и Волги	275	39	2	4	0,008	0,017
6.3	Терек	249	73	1	0	0,006	0,000
6.4	Реки бассейна Каспийского моря на юг от бас Терека до гр РФ	25	2	0	0	0,000	0,000
<b>7</b>	<b>Верхнеобский бассейновый округ ((Верхняя) Волга до Куйбышевского водохр (без бассейна Оки))</b>	<b>2800</b>	<b>251</b>	<b>12</b>	<b>36</b>	0,005	0,014
<b>8</b>	<b>Окский бассейновый округ (Ока)</b>	<b>1478</b>	<b>106</b>	<b>3</b>	<b>14</b>	0,002	0,010
<b>9</b>	<b>Камский бассейновый округ (Кама)</b>	<b>3862</b>	<b>337</b>	<b>16</b>	<b>40</b>	0,005	0,011
<b>10</b>	<b>Нижеволжский бассейновый округ (Волга от верховий Куйбышевского водохр до впадения в Каспий)</b>	<b>735</b>	<b>52</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	0,000	0,003
<b>11</b>	<b>Уральский бассейновый округ</b>	<b>603</b>	<b>92</b>	<b>0</b>	<b>4</b>	0,000	0,008
11.1	Урал (российская часть бассейна)	577	91	0	4	0,000	0,008
11.2	Бассейны рек Малый и Большой Узень (рос. часть бассейнов)	26	1	0	0	0,000	0,000
<b>12</b>	<b>Верхнеобский бассейновый округ</b>	<b>6056</b>	<b>938</b>	<b>15</b>	<b>28</b>	0,003	0,005
12.1	(Верхняя) Обь до впадения Иртыша	5951	896	15	28	0,003	0,006
12.2	Бессточная область междуречья Оби и Иртыша	105	42	0	0	0,000	0,000
<b>13</b>	<b>Иртышский бассейновый округ (Иртыш)</b>	<b>2191</b>	<b>228</b>	<b>5</b>	<b>40</b>	0,003	0,020
<b>14</b>	<b>Нижеобский бассейновый округ</b>	<b>6318</b>	<b>2422</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	0,000	0,000
14.1	Реки бассейна Карского моря междуречья Печоры и Оби	835	374	0	1	0,000	0,002
14.2	(Нижняя) Обь от впадения Иртыша	2246	645	0	0	0,000	0,000
14.3	Надым	484	275	0	0	0,000	0,000
14.4	Пур	1070	346	0	0	0,000	0,000
14.5	Таз	1683	782	0	0	0,000	0,000
<b>15</b>	<b>Анадыро-Колымский бассейновый округ</b>	<b>5364</b>	<b>940</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	0,001	0,000
15.1	Ангара	3334	711	6	0	0,002	0,000
15.2	Бассейны малых и средних притоков южной части оз.Байкал	126	8	0	0	0,000	0,000
15.3	Селенга (российская часть бассейнов)	1276	71	0	0	0,000	0,000
15.4	Бассейны малых и ср. притоков ср. и сев. части оз. Байкал	628	150	0	0	0,000	0,000
<b>16</b>	<b>Енисейский бассейновый округ</b>	<b>18623</b>	<b>8626</b>	<b>10</b>	<b>38</b>	0,001	0,004
16.1	Енисей	10975	4015	8	33	0,001	0,005
16.2	Пясина	2058	1328	0	1	0,000	0,001
16.3	Нижняя Таймыра	1943	1424	2	3	0,004	0,006
16.4	Хатанга	3647	1859	0	1	0,000	0,001
<b>17</b>	<b>Ленский бассейновый округ</b>	<b>25776</b>	<b>10582</b>	<b>6</b>	<b>5</b>	0,000	0,000
17.1	Анабар	987	426	0	0	0,000	0,000
17.2	Оленек	1511	879	0	0	0,000	0,000
17.3	Лена	15910	6002	5	5	0,001	0,001
17.4	Яна	3168	1064	0	0	0,000	0,000
17.5	Индибирка	3642	1882	1	0	0,001	0,000
17.6	Алазея	558	329	0	0	0,000	0,000
<b>18</b>	<b>Анадыро-Колымский бассейновый округ</b>	<b>16240</b>	<b>9426</b>	<b>15</b>	<b>10</b>	0,002	0,001
18.1	Колыма	5030	3220	3	2	0,002	0,001
18.2	Бассейны рек Восточно-Сибирского моря восточнее Колымы	643	317	0	0	0,000	0,000
18.3	Бассейны рек Чукотского моря	946	612	1	0	0,003	0,000
18.4	Бассейны рек Берингова моря (от Чукотки до Анадыря)	821	498	0	0	0,000	0,000

18.5	Анадырь	1816	1070	2	1	0,003	0,001
18.6	Бассейны рек Берингова моря (южнее Анадыря)	2014	1117	2	1	0,002	0,001
18.7	Камчатка	916	372	4	1	0,007	0,002
18.8	Реки Камчатки бассейна Охотского моря (до Пенжины)	1829	945	1	2	0,001	0,002
18.9	Пенжина	708	431	1	1	0,004	0,004
18.10	Бассейны рек Охотского моря от Пенжины до хр.Сунтар-Хаята	1517	844	1	2	0,001	0,003
<b>19</b>	<b>Амурский бассейновый округ</b>	<b>11871</b>	<b>3038</b>	<b>11</b>	<b>31</b>	<b>0,001</b>	<b>0,004</b>
19.1	Бассейны рек Охотского моря от хр.Сунтар-Хаята до Уды	1172	487	0	0	0,000	0,000
19.2	Уда	595	146	0	0	0,000	0,000
19.3	Амур	8252	2185	8	18	0,001	0,003
19.4	Бассейны рек Японского моря	916	208	0	2	0,000	0,003
19.5	Бассейны рек о.Сахалин	936	12	3	11	0,003	0,012

116260 рек по России , 40471 рек без названия



# Прямая Линия

А.А. Клёсов

## Часть 2

Как и в предыдущем выпуске «Вестника», большую часть и этого выпуска занимает изложение содержания «Прямой линии», которая работала на сайте «Переформат» с начала апреля 2016 года, и затем, в июле 2017 года, перешла на ресурс [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 осталось погребенным в глубинах сетевого архива. Поэтому настоящей публикацией мы продолжаем перевод «Прямой линии» в информационный и научный оборот. Структура «Прямой линии» оставлена без изменений, и с минимумом редакционных правок.

*Ира* говорит:

[06.05.2016 в 06:09](#)

**Тема: ассирийцы**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, хотелось бы узнать Ваше мнение о происхождении современных ассирийцев. Они полностью уверены, что они – потомки древних ассирийцев из Междуречья, и у меня нет никакого основания в этом сомневаться, но просто интересно, как это выглядит с научной точки зрения и родственны ли они евреям (Авраам ведь вышел из Ура в Междуречье). Они жили в основном на севере Ирака и в северо-восточной Турции (я пишу жили, потому что их оттуда практически изгнали за последние 20 лет) – многие переехали в США. Они также есть в Иране, Сирии, Израиле, России, на Украине, и т.д. Случайно наткнулась на ассирийскую [генетическую информацию](#).

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.05.2016 в 19:05](#)

Уважаемая Ирина, принято считать, что ассирийцы – потомки древних шумеров. Если Вы обратите внимание на Ассирийский Проект, линк на который дали, то там самая большая группа – это R1b (месяц назад их



там было 29%), что для Ближнего Востока нехарактерно. Для академических выборок R1b у ассирийцев составляет 40%, намного больше всех остальных. В Проекте FTDNA доля R1b занижена, потому что туда записались все, кому не лень, и кому хотелось назваться ассирийцами.

Поскольку шумеры начали свою историю еще в доеврейские времена, за две тысячи лет до того, то много R1b попали к будущим евреям, и застряли там до наших времен. В итоге у евреев сейчас довольно много гаплогруппы R1b. Поэтому ассирийцы группы R1b, как и евреи гаплогруппы R1b, родственники по очень дальним предкам. У двух участников этого ассирийского проекта есть даже «модальный гаплотип коэнов», но он передался, скорее всего, от дальних предков, живших 5-9 тысяч лет назад.

Да, сейчас ассирийцы живут по всему миру. В настоящее время должно проходить ДНК-тестирование многих иракских курдов, если война не помешала, и гаплотипы-гаплогруппы пришлют мне, если все будет нормально. Зная, что там происходит, мне не хочется их торопить, спрашивая, «ну как у вас дела». В мае-июне обещали прислать первые данные. Возможно, среди них окажутся и потомки древних носителей R1b, возможно, шумеров и ассирийцев.

*И. Рожанский* говорит:

[07.05.2016 в 09:45](#)

“Принято считать” – это очень расплывчатое понятие. Если интересует вопрос о происхождении ассирийцев, то можете посмотреть дискуссию в статье о шумерах, начиная [с этого сообщения](#). Если кратко, то определяющим в этногенезе современных ассирийцев был религиозный фактор – принадлежность к несторианскому (с некоторыми оговорками) толку христианства. Это способствовало как их обособлению от других народов Северной Месопотамии, так и сохранению в их среде арамейского языка, утратившего свои позиции после исламизации остального населения. Второй народ этого же региона, сохранивший свою веру и язык – армяне, которые по своему набору генеалогических линий, как, впрочем, и по внешнему облику, почти неотличимы от ассирийцев. С точки зрения ДНК-генеалогии, их можно рассматривать как единое целое, несмотря на разность в языках, религии и самоидентификации.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[07.05.2016 в 17:15](#)

>> “Принято считать” – это очень расплывчатое понятие.

Безусловно. Но оно в гуманитарных науках, как правило, самое корректное. Беда в том, что об этом часто забывают, и тому, что на самом деле «принято считать», придают статус факта. Но там и «факты» на самом деле часто понятие промежуточное и расплывчатое. Провели экзит-пол в ходе выборов кандидатов в президента. Получили 52% за данного кандидата. Это факт? Разумеется, по первым 16% голосующих. Это, кстати, реальный пример всего несколько дней назад по штату Индиана в США. А в итоге получилось наоборот, у кого было 52%, после завершения голосования стало 48%. И вот такими фактами повсеместно оперируют в гуманитарных науках. Нашли в культуре материальный признак – подумали, поразмышляли, сравнили, сделали вывод. Фактом был тот меч, который нашли? Фактом, разумеется. Остальное – интерпретации и выводы – уже не факт, они зыбкие, переменчивые, зависят от того, кто этот вывод сделал, от его статуса, системы обоснований, современного состояния представлений, и что важно – почти всегда неустойчивы, подвержены последующим изменениям, чаще после появления других материальных признаков, но порой и без них, просто вывод пересматривается другим, с его статусом и системой обоснований.

Поэтому в науках гуманитарных, а порой и в естественных, особенно на переднем фронте развития данного направления, «принято считать» является основным научным принципом. Тот, кто им пренебрегает, нарушает, в подавляющем большинстве случаев либо забывается, заблуждается, либо является шарлатаном. В остальных случаях система оснований должна быть настолько железобетонной, что возражающих просто нет, и формируется прочный, единогласный консенсус. Но часто ли мы такое видим? И еще – должно пройти лет сто, чтобы консенсус продолжал оставаться прочным и непоколебимым. Пример – гелиоцентрическая система мира, положение, что Земля вращается вокруг Солнца, а Луна – вокруг Земли. Даже то, что Америку открыл Колумб, и то как-то оживленно дискутировалось, что это был не Колумб, а смотровой матрос на мачте корабля. Потом пошла дискуссия о том, что на самом деле открыли исландские мореходы, другие утверждали, что китайцы, третьи – что те самые люди, которые прошли по Берингии 15-20 тысяч лет назад, а четвертые – что это было не менее 50 тысяч лет назад. Пятые – что это были европейские солютрейцы, и это все еще обсуждается в научной литературе. И все эти пять вариантов (а есть еще) могут оказаться правы. Поэтому условный консенсус пришел к фразе «принято считать, что Америку открыл Колумб», в модификации, что «открыл Америку для европейцев», в смысле «открыл для последующей колонизации Америки европейцами», при том, что для понятия «открыл» вводится дополнительное определение, что открыл – это не буквально он, и не обязательно тогда, но это тот, кто сделал максимальный вклад в доведение данного события до широкой общественности. Первым шагом доведения до общественности был

доклад Колумба испанским королям Фердинанду II Арагонскому и Изабелле I Кастильской.

Так что, как видим, и здесь «принято считать». Естественно, я написал о происхождении ассирийцев от шумеров в форме «принято считать», а как же еще? При этом понятно, что я не имел в виду всех ассирийцев до единого, ассирийцы в настоящее время представляют разнородный состав во всех отношениях – и по языку, и по религии, и по культуре, и по месту жительства. И по гаплогруппам Y-хромосомы. Но с гаплогруппой R1b – наиболее значительная часть, причем и по коммерческой базе данных, и по полевым выборкам, причем с гаплогруппой R1b-L23 (которая явно пройдет глубже по субкладам при более детальном типировании), которая пришла с севера, через ямную культуру, наверняка старую майкопскую культуру, через Кавказ и Месопотамию в Междуречье. Потому у армян и многих других кавказцев там много гаплогруппы R1b, причем именно R1b-M23, это определенно миграционный путь в шумеры и далее по территориям. Это и есть, как пишет И.Л. Рожанский, «с точки зрения ДНК-генеалогии, их можно рассматривать как единое целое, несмотря на разность в языках, религии и самоидентификации». Об этом и речь.

Оспаривать происхождение шумеров от эрбинов, и (части) ассирийцев от шумеров – бесполезно и непродуктивно, и главное – преждевременно. Есть гипотеза, у нее есть основания. Суть ее – что эрбины основали (или сделали значительный вклад) в образование шумерского государства. Так что подождем ископаемых ДНК древних шумеров, и сравним с гаплогруппами-гаплогруппами современных ассирийцев, кто так себя называют. Разумеется, среди древних шумеров окажутся и другие гаплогруппы, аккадцев, например, предположительно J1 и J2, там же определенно будут G2a. Просто не надо торопиться оспаривать ради оспаривания (ОРО). Лучше не пытаться ОРО, а спокойно выдвинуть свою гипотезу о происхождении шумеров в терминах гаплогрупп, и дать ей свое обоснование. Уже одно это будет полезно и познавательно. А далее – ждать ископаемых ДНК шумеров. Или тестировать их самим, такие возможности приближаются.

Возвращаясь к «расплывчатому понятию», с чего началось мое пояснение, вся современная наука, как и наука на любой стадии ее развития, представляет систему «принято считать». Иначе говоря, это система – в определенной степени – мифов, зыбких и постоянно меняющихся мифов, непрерывно адаптирующихся к новому знанию, новым обнаруженным фактам, материальным признакам, новым интерпретациям, обоснованным в большей или меньшей степени. Это важно понять, чтобы осознать, почему носители одних мифов так яростно воюют против носителей других мифов, называя их мифы «псевдонаукой», и почему эта война направлена, как правило, не на

сами мифы, а на их носителей. Как одна религия не выносит другую, так и одни мифы не выносят других. При этом и там, и там неприятие выливается не на конкурирующую религию как таковую, а на ее носителей. То же и с мифами в науке. Ответ прост – критиковать одной религией другую бессмысленно, поскольку религия в первую очередь – это свод этических принципов, а также набор ритуалов. Ну какой смысл одним ритуалам критиковать другие? А этические принципы часто одни и те же. Остается только поносить носителей, извините за игру слов.

Так и в науке – ну какой смысл одним мифам критиковать другие, когда нет консенсуса ни там, ни там? Вот если бы был, как есть консенсус по началам термодинамики, тогда другой разговор, нарушение этих начал есть, как правило, серьезное основание для опровержения соответствующего мифа. Но в остальных случаях критика одних мифов другими мифами вызывает серьезные сомнения в адекватности критиков, их научного уровня, бескорыстности их действий, или отсутствии их идеологического ангажирования. Вот такой серьезный разговор вызвала простая ремарка о том, что «принято считать» – слишком расплывчато. Если бы это не был уважаемый Игорь Львович, я бы написал – «добро пожаловать в науку». Но в данном случае спишем просто на банальное ОРО.

*И. Рожанский* говорит:

[09.05.2016 в 17:28](#)

В данном конкретном случае никакого ОРО не было и в мыслях. Всего лишь хотел снабдить человека, задавшего вопрос, ссылками на факты, касающиеся истории современных ассирийцев. Ответ с формулировкой “принято считать” мог создать впечатление, что про них вообще ничего неизвестно, что не так. С начала нашей эры по истории сиро-халдейских течений в христианстве и языкам, на которых говорили их последователи, сохранилось достаточно много сведений в разных источниках. На это, собственно, и хотел обратить внимание.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.05.2016 в 17:48](#)

>> *принято считать, что ассирийцы – потомки древних шумеров.*

>> *Ответ с формулировкой “принято считать” мог создать впечатление, что про них вообще ничего неизвестно, что не так.*

Никакой связи между первой и второй цитатой нет. Первая говорит о конкретном положении, вторая неоправданно расширяет его, доводя до

абсурда. Если говорят, что «принято считать, что Америку открыл Колумб», это вовсе не означает, что про Америку и про Колумба «вообще ничего неизвестно». Иначе говоря, во второй цитате налицо логический сбой в связке с «критикой», что есть явный и основной признак ОРО, в том числе и ОРО неосознанного. Естественно, про ассирийцев и шумеров много что известно, и много что «принято считать». Часто провести грань между этими понятиями невозможно, потому что «принято считать» со временем подается как установленные факты. Вот, например, без всякой критики, типичное краткое изложение истории шумеров и ассирийцев, взятое просто навскидку:

*С XVIII в. до н.э. и до заката месопотамской цивилизации столицей царства «Шумер-и-Аккад» практически неизменно был Вавилон, поэтому, говоря о событиях середины II-I тыс. до н.э., многие авторы называют это царство Вавилонией. С XIV в. до н.э. восприятие месопотамцами своей истории было осложнено тем, что на северном рубеже «Шумера-и-Аккада» (Вавилонии) появилась Ассирийская держава: город-государство Ашшур объединил под своей властью обширные территории Верхней Месопотамии, превратившись таким образом в столицу нового могучего царства... В конце концов Вавилония, восстав против Ассирии, уничтожила ее (кон. VII в. до н.э.) и некоторое время была единственным государством «черноголовых». В 539 г. до н.э. в результате персидского завоевания Месопотамия стала частью Персидской империи.*

Как мы видим, известно много, и это краткое изложение во многих случаях развернуто в книги, только это никак не отвечает на вопрос о том, от каких народов произошло шумерское государство и от каких народов произошли ассирийцы. Первое вообще остается загадкой, и написать, что о шумерах многое известно, не имеет к решению этой загадки никакого отношения. То же самое и об ассирийцах, и написать «с начала нашей эры по истории сиро-халдейских течений в христианстве и языкам, на которых говорили их последователи, сохранилось достаточно много сведений в разных источниках» – тоже просто уводить разговор в сторону. Это тоже характерный признак ОРО. А главное – зачем задействовать здесь первую букву О, то есть оспаривать?

Ну, можно написать эссе «по истории сиро-халдейских течений в христианстве и языкам», только какое это имеет отношение к тому, что у ассирийцев доминирует гаплогруппа R1b по сравнению с другими гаплогруппами, что совершенно нехарактерно в Иране/Персии, и вообще на Ближнем Востоке? Откуда гаплогруппа R1b там появилась? Вряд ли от семитских народов, не так ли? То есть вряд ли от аккадцев, если исходить из того, что «принято считать»?

Так вот, я в свое время, пытаясь решить эту загадку, и анализируя миграционные пути эрбинов, пришел к гипотезе, что эрбины прибыли в Месопотамию примерно 6000 лет назад (это согласуется с датировками

субклада R1b-L23, и, кстати, с датировкой R1b-L23-Z2103, которой примерно 6200 лет назад) и именно это есть причина того, что у современных ассирийцев много R1b. Но откуда R1b у ассирийцев, кто были их предками в лице эрбинов, если не аккадцы и не прочие автохтоны типа бедуинов, у которых доминируют гаплогруппы J1 и J2? Ясно, что R1b – не автохтоны, они прибыли с севера, больше неоткуда, в Индии эрбинов не было, как и нет там их потомков. И получается, что это были шумеры, потомки ямников R1b-L23-Z2103 и кавказцев той же гаплогруппы.

Но, к сожалению, ОРО в сети продолжается с разных сторон, с начала появления этой гипотезы. Это характерно для сетевых активистов, которые сами ничего не предлагают, но любимое занятие которых делать вид, что опровергают. На самом деле опровергнуть эту гипотезу невозможно, можно лишь предлагать альтернативные варианты, с их обоснованиями. Так вот, альтернативные варианты должны объяснить, какова дальнейшая судьба R1b (R1b-L23-Z2103), попавших в Месопотамию, какие народы (если не шумеров) они образовали, и каким путем эта гаплогруппа попала к ассирийцам. Разговоры о том, что про ассирийцев много известно, здесь не помогут.

*И. Рожанский* говорит:

[15.05.2016 в 21:07](#)

*>> Так вот, альтернативные варианты должны объяснить, какова дальнейшая судьба R1b (R1b-L23-Z2103), попавших в Месопотамию, какие народы (если не шумеров) они образовали, и каким путем эта гаплогруппа попала к ассирийцам.*

Альтернативный вариант уже предлагался, причем с обоснованием по филогении, датировкам и, отчасти, лингвистическим соображениям. Это вторая часть статьи [“Куда исчезли шумеры”](#), начиная со слов “Что касается ветвей «восточного» субклада Z2103, то к югу от Большого Кавказского хребта представлены уже упомянутые выше L584 и L277”. В более развернутой форме “эрбинство” хурритов и урартов обосновывается [в одном из комментариев к этой статье](#). В своем ответе на этот комментарий никаких резких слов об ОРО и прочем словесном мусоре не было, и, в целом, Вы приняли мои доводы, как мне показалось. По этой причине теряюсь в догадках, чем вызван столь резкий ответ по теме, в которой ранее уже было достигнуто согласие.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.05.2016 в 16:16](#)

*>> Альтернативный вариант уже предлагался... в целом, Вы приняли мои доводы, как мне показалось. По этой причине теряюсь в догадках, чем вызван столь резкий ответ по теме, в которой ранее уже было достигнуто согласие.*

Это не был альтернативный вариант, как я подробно пояснил в моем последующем ответе. Это был дополнительный вариант, который к шумерам не имел отношения, и рассматривал гаплогруппы R1b у урартов и хурритов, а также относительно недавние субклады у ассирийцев. Эти субклады с возрастом примерно 4200 и 3800 лет могли образоваться уже в шумерской среде, или позже, что совершенно не противоречит тому, что шумеры в основном, или в значительной степени были эрбинами. Вот некоторые из моих комментариев в той дискуссии:

*Я продолжаю не видеть никаких противоречий. Допустим, глубокое изучение ДНК-генеалогии покажет наличие преобладающих R1b у шумеров, урартов и хурритов. Разве такой вариант невозможен?*

*Более глубокое изучение покажет, следующими на этом миграционном пути были хурриты, а затем шумеры, или шумеры, а затем хурриты, плюс еще многие детали этого пути, исключительно важного для развития древних цивилизаций. Я так и не понимаю, зачем эти варианты противопоставлять друг другу.*

Именно потому я не могу понять ОРО в такой ситуации. Мы пока не знаем гаплогруппы шумеров, и, видимо, скоро узнаем. Зачем оспаривать, не зная ответа, и приводя данные, относящиеся к другим народностям, предками которых могли быть шумеры или родственные в древности народы? Почему надо непременно оспаривать, а не дополнять? Поэтому согласия не было, точнее, согласие было по другому вопросу, что гипотезу можно дополнить, но для замены на другое нет никаких оснований. Вообще, когда ответа нет, всегда корректнее дополнять, а не противоречить.

Олег говорит:

[07.05.2016 в 12:17](#)

**Тема: Яфетиды – потомки библейского Иафета**

Анатолий Алексеевич, вот выдержка из [статьи в англоязычной Википедии о яфетидах](#):

*Among the nations that various later writers (including Jerome and Isidore of Seville, as well as other traditional accounts) have attempted to assign to them, are as follows: Gomer: Scythians, Turks, Bulgars, Armenians,, Welsh, Picts, Germanic People, Celts, Teutons (Germanic peoples);*

*Magog: Goths, Swedes, Scandinavians, Finns, Huns, Slavs, Magyars (Hungarians), Irish, Celts;*

*Madai: Mitanni, Mannai, Medes, more generally Persians or even their relatives;  
Javan: Ionians (Greeks);*

*Tubal: Tabali, Circassians, Georgians, Italics (not including Latin who are of Etruscan origin), Iberians, Basques;*

*Meshech: Phrygians, Moschoi, Meskheti, Georgians, Armenians, Illyrians;  
Tiras: Thracians, Etruscans, Romanians.*

Считается, что эта таблица народов является наиболее закономерной, соответствующей историческим данным. Но насколько она соответствует данным ДНК-генеалогии? Мне кажется, что определенные корреляции есть, хотя бы в части того, что германские племена, кельты, валлийцы, пикты (представители прототюрской R1b) отнесены к одной группе вместе с тюрками – булгарами, турками, скифами.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[07.05.2016 в 20:47](#)

Уважаемый Олег, любая классификация есть отражение текущего уровня знаний, попытка разложить по полочкам то, что известно в соответствующее время. В каждой есть определенная логика, и многие логические классификационные положения древности дошли и до настоящего времени. При этом, есть две крайние ментальные категории тех, кто эти положения рассматривают. Одни пытаются любой ценой те классификации раскритиковать, разгромить, заменить на свои, видимо, полагая, что они этим войдут в историю цивилизации, в пантеон умов человечества. Другие пытаются любой ценой те классификации сохранить, подогнать под новое знание, порой делая успехи акробатики. И немногие применяют принципиально новое знание, которого у древних не было, и подвергают те классификации и древние мифы объективной проверке. При этом то, что проверки не выдерживает, осмеянию не подвергается, мифы есть мифы, и древние классификации было по-своему логичны. Но то, что проверку выдерживает, дает нам новое знание уже более высокого ранга.

Критик скажет – и что там более высокого, еще древние, получается, это знали? Но такой критик – поверхностный и не думающий. Дело вовсе не в том, что подтвердили давно известное, правда, известное как миф, а в том, что это, как правило, демонстрация нового знания на интересной модели, и уже само по себе продвигает науку, дополнительно обосновывает положения нового знания, диапазон его применимости.



Именно потому мне, например, представляется важным заниматься Библией и Евангелиями с точки зрения ДНК-генеалогии, потому что каждый раз выявляются неожиданные научные детали, и появляется новый взгляд на древние тексты. Но занятно, что каждый раз в сети раздаются хор голосов, что «он рассматривает Библию как научный источник», это «псевдонаука». Ущербность этих «критиков» меня забавляет. Им не дано понять, что я не науку с точки зрения Библии рассматриваю, а наоборот, и что библейские тексты – это объективная реальность, что эти тексты выдержали (более чем) тысячелетнюю проверку, и вошли в жизнь сотен миллионов людей. Библийские тексты – это источник высшей категории для научных исследований, если исследования проводятся по строгим научным принципам. Строгость научных исследований определяются выбранной методологией, а не объектом исследования.

Это относится и к заданному Вами вопросу. В нем первая фраза – это отражение той ментальной категории, которая стремится подогнать древние классификации под существующее знание. Но вторая фраза – это отражение желания узнать, так ли это. В этом отношении Ваш вопрос хорошо сбалансирован. Ответить на него однозначно нельзя, потому что само понятие «таблицы народов» не является однозначным. Но давайте посмотрим на логику древнего деления народов на группы. Логика была простой – есть народы европейские, азиатские и африканские. Америка с Австралией и Океанией тогда были неизвестны, поэтому они выпали. Не будем же мы древних за это критиковать. А дальше – просто, эти три народа – потомки трех сыновей. Как назвать их – уже не имеет значения, как и придумать их предыдущую историю. Назвали их Иафет, Сим и Хам, в теперешнем синодальном варианте. Дальше встроили их историю-генеалогия в библейский вариант, или, наоборот, от них и пошел библейский вариант, это нам неизвестно. Решили, что отец их был Ной, и они вместе с семейством спаслись после потопа. Ною тогда было 600 лет, но если принять, что считали тогда по месяцам, то было ему 50 лет. В свой ковчег, который Ной построил по точным инструкциям Всевышнего, начиная от того, какой именно тип дерева взять, и какие размеры ковчега в трех измерениях, и как осмолить, и где в ковчеге должна быть дверь, и так далее, Ной взял свою жену и всех трех сыновей с их женами. Короче, от них и пошли народы.



Согласно библейским интерпретациям, от Иафета пошли европейцы, от Сима – семиты, от Хама – африканцы. Так что до этого этапа все простенько, и по-древнему логично. Правда, с Хамом и его Африкой есть некоторые нестыковки, потому что его четверо детей – Хуш, Мицраим, Фут и Ханаан, породили людей, которые позже, как говорит общее знание и новое знание в виде ДНК-генеалогии, напротив, пришли в Африку, или там с самого начала не были, кроме эфиопов и отчасти мавров. Эфиопы, согласно Википедии, пошли от Хуша, египтяне от Мицраима, мавры (либийцы) от Фута, и от Ханаана иевусейцы, аморейцы и прочие, которые потом рассеялись, и позже туда пришли евреи, уже не как потомки Хама. Изображения трех сыновей Ноя как-то не позволяют среди них выявить типичного африканца. Более того, от Хуша согласно Библии пошли вавилоняне и аккадцы, которые тоже вряд ли африканцы, от Мицраима – филистимляне. Ассур, и видимо, ассирийцы, уже потомки Сима.

Библия (Быт. 10-11) подробно описывает, какие народы пошли от кого, и особое внимание, что неудивительно, уделяет потомкам Сима, то есть семитам, вплоть до Авраама и его потомков. Поскольку от Авраама,

согласно Библии, пошли Измаил (Ишмаэль) и Исаак, и первый стал отцом арабов, второй – евреев, то там тоже с ДНК-генеалогией все в порядке. Согласно последней, евреи и арабы действительно происходят от общего предка, который жил примерно 4000 лет назад (книга «Кому мешает ДНК-генеалогия», 2016). Что касается потомков Иафета, в Библии о них всего несколько строк (Быт. 10:2-5), и список народов, который Вы дали, это уже позднее творчество, в основном святого Джерома (347-420 гг) и святого Исидора Севильского (560-636 гг). Он, список, отражает представления того времени, и со многим можно согласиться. А многое сомнительно. Например, от Гомера, сына Иафета, согласно списку народов, произошли скифы, тюрки, болгары, армяне, жители Британских островов, кельты и тевтонцы. Вообще винегрет еще тот. Там и R1b, и R1a, и N1c1, и I, и J2 (четверть армян, еще треть R1b-L23). От Магога – тоже чересполосица, и I1, и R1a, и N1c1, R1b. Но то, что от Мадея произвели митаннийцев (если это митаннийские арии) и персов – это они правильно схватили, гаплогруппа R1a, тем более что авторы жили еще до появления мусульман. К потомкам Фувала отнесли черкесов, грузин, италийцев (без латинян, происходивших от этрусков, по мнению авторов) и басков. Что-то в этом есть, в основе части грузин, черкесов и басков находятся древние эрбины, и даже древняя система счета у грузин и басков похожа, двадцатеричная.

Ну, и так далее. Написать, что «Считается, что эта таблица народов является наиболее закономерной, соответствующей историческим данным», это, конечно, большая натяжка, хотя кем считается и каким данным? В современной науке – очень вряд ли. В общем, эту таблицу при желании можно поворачивать как угодно, находить как соответствия, так и несоответствия. Это зависит от задачи, которую ставит рассматривающий.

Олег говорит:

[10.05.2016 в 15:05](#)

Да, Анатолий Алексеевич, просто по поводу прототюрской R1b тех же европейцев Вы некогда давали интервью. Меня сбила с толку [статья в Википедии о ДНК тюрков](#), тех же болгар. У них тоже, оказывается, была R1b. Да, наверное, Википедия все же сайт для дилетантов и надо полагать, совсем не энциклопедический ресурс. По поводу закономерности упомянутой выше таблицы, это тоже из той же Википедии. Их закономерность и резонность ограничивается только данными, которые были получены в свое время от того же св.Джерома, создателя канонического латинского текста Библии и глаголического алфавита и св. Исидора Севильского, известного энциклопедиста. Других таблиц, более резонных, в приводимой мной статье попросту нет. По поводу гаплогрупп R1a, N1c1, I и J2, которые также были свойственны народам, якобы произошедшим от сына Иафета Гомера,

думал, что, это могли быть приобретенные в процессе миграций генеалогические линии у тюрков или там произошла, по всей видимости, смена генеалогических линий. По аналогии, как в свое время в Европе произошла смена G на R1b или R1a на R1b (очень интересна Ваша статья о кельтах). У тех же скифов, помимо встречающейся в Центральной Азии R1a-Z93, могла быть и встречающаяся в Центральной Азии R1b. Еще раз убеждаюсь, данные популяционных генетиков только искажают общую картину. А Википедия это публикует.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.05.2016 в 20:52](#)

*>> По поводу гаплогрупп R1a, N1c1, I и J2, которые также были свойственны народам, якобы произошедшим от сына Иафета Гомера, думал, что, это могли быть приобретенные в процессе миграций генеалогические линии у тюрков или там произошла, по всей видимости, смена генеалогических линий.*

Любая классификация – это дань простоте в ущерб истине. Более того, любая классификация отражает уровень знаний того времени. То, что Вы привели – отражало уровень знаний середины I тыс. н.э., и не стоит гаплогруппы под нее подгонять. Как и ту классификацию подгонять под гаплогруппы. Она представляет просто исторический интерес, и должна иметь вторичное значение при интерпретациях современных данных. Совпало – значит, молодцы были древние авторы, уловили тенденцию. Не совпало – нет проблем, знания были не те.

Олег говорит:

[10.05.2016 в 21:04](#)

Согласен, Анатолий Алексеевич.

И. Рожанский говорит:

[08.05.2016 в 08:15](#)

*>> Согласно библейским интерпретациям, от Иафета пошли европейцы, от Сима – семиты, от Хама – африканцы...*

Это не по библейским, а по вторичным эллинистическим интерпретациям. Едва ли географические представления древних евреев, сугубо сухопутного народа, совпадали с теми, что существовали у древних греков, земли которых были с трех сторон окружены морем. В силу многовековой традиции, эллиноцентрическое деление Ойкумены на Европу, Азию и Африку сейчас нам кажется настолько естественным, что мы невольно переносим его на народы, которым оно было чуждо.

Например, в китайской традиции Китай называется просто “страна” (國 - го), через которую протекает река под названием “река” (河 - хэ), пересекающая гористую местность (Лёссовое плато) под названием “горы” (山 - шань). Современные названия “срединная страна” (中國 - чжунго) и “желтая река” (黃河 - Хуанхэ) появляются позже и употребляются факультативно, если по контексту необходимо уточнение. Весь остальной мир сориентирован относительно этих фундаментальных понятий, что до сих пор отображено в названиях современных китайских провинций, занимающих исторический центр китайской цивилизации: Хэбэй (河北 - к северу от Реки), Хэнань (河南 - к югу от Реки), Шаньси (山西 - к западу от Гор) и Шаньдун (山東 - к востоку от Гор). Нечто подобное существовали и в представлениях древних египтян, где роль точки отсчета играл Нил.

Если вернуться к представлениям скотоводческих племен, которыми были древние евреи вплоть до возникновения Израильского Царства, то ветхозаветные генеалогии должны быть увязаны не по географическому, а по родовому принципу, как, например, шежере у тюркских народов или племенные коалиции у современных арабов. В таком варианте потомки Яфета, младшего сына Ноя, это все прочие, кто в древнееврейской традиции не входил в систему межплеменных отношений. Если применять эллиноцентрическую систему понятий, это “варвары”. Их соотнесение с разными народами едва ли было фиксированным и наверняка менялось во времени. Гораздо интереснее деление народов на потомков Сима (Шема) и Хама. Оно намного более подробное, и явно опирается на какие-то сведения об их истории, что давно уже утрачены. В реконструкции каких-то деталей здесь может помочь ДНК-генеалогия.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.05.2016 в 19:48](#)

>> Согласно библейским интерпретациям, от Иафета пошли европейцы, от Сима – семиты, от Хама – африканцы...

>> Это не по библейским, а по вторичным эллинистическим интерпретациям.

Да, конечно. Имелись в виду интерпретации библейских текстов.

[Александр Васильевич](#) говорит:

[08.05.2016 в 19:46](#)

**Тема: гаплотипы и снипы**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, проясните, пожалуйста, почему на сайте [yfull.com](#) в гаплотипах некоторых снипов не представлены некоторые маркеры (могу ошибаться в терминологии)? Например:

в I-Z17855 отсутствуют DYS447, DYS568, DYS487, DYS572, DYS565;  
в I-Y4460 и I-S8201 отсутствуют DYS487, DYS572;  
в I-Y3118 и I-Y5598 отсутствуют DYS447, DYS487, DYS572;  
в I-CTS5779 отсутствуют DYS447, DYS487, DYS572, DYS716, DYS463;  
и так далее ещё ряд снипов.

Гаплотип я смотрю, щёлкая по окошечку со словом «info» рядом с названием снипа. Возможно ли как-то узнать значения отсутствующих маркеров?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.05.2016 в 21:47](#)

Да, это новый сервис компании YFull, недавно добавленный. Маркеры определяют по геномным данным, вытаскивая обычно по 376 маркеров. Но не все маркеры таким путем определяются, получается довольно много пропусков. Нет в мире идеального. Но и то, что стало доступно – это крупный шаг вперед. Надо добавить, что показанные наборы маркеров выполняют роль базового гаплотипа. В случае R1a-Z280 они, например, получены при обработке нуклеотидных последовательностей Y-хромосом для 178 человек. При этом они пропустили 16 мультимаркерных аллелей, все на первых 67 маркерах, пропустили один маркер (YGGAAT-1B07) в панели 68-111, и, видимо, ошиблись с маркером DYS570, дали аллель 18, а там в среднем 18.7, то есть округленно 19. Одна ошибка на 111 маркеров – это вполне приемлемо, тем более для другого набора тестируемых и для совершенно другого метода. Тем более у них это может быть вовсе не ошибка, поскольку другой набор тестируемых, и может быть сдвиг по субкладам.

*Александр Васильевич* говорит:

[09.05.2016 в 13:54](#)

Анатолий Алексеевич, спасибо за информацию, но, извините, так и не понял – есть ли какая-то возможность восполнения отсутствующих маркеров (может быть они там на сайте YFull где-то зарыты, а я не вижу), или, например, из других источников? И корректно ли указывать название субклада с отсутствующими в нём маркерами? Или эти



названия потом подгоняются (корректируются) по мере определения недостающих маркеров?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.05.2016 в 16:19](#)

>> *Маркеры определяют по геномным данным, вытаскивая обычно по 376 маркеров. Но не все маркеры таким путем определяются, получается довольно много пропусков.*

>> *...не понял – есть ли какая-то возможность восполнения отсутствующих маркеров (может быть они там на сайте YFull где-то зарыты, а я не вижу)...*

Я полагал, что ответил на этот вопрос, но, видимо, ответил не очень доходчиво. Моя вина. Перефразирую – сотрудники YFull сами геномный анализ не проводят, они используют уже готовые данные, которые им либо присылают заинтересованные в более глубоком анализе своих результатов BigY (файл которого для этого надо запросить в геномной компании, в которой тест проводился), за отдельную плату, либо YFull напрямую получают геномные данные из специализированных баз данных. Та скоростная методология, которую применяют YFull, несовершенна (поэтому и плата относительно небольшая), и дает довольно много пропусков в гаплотипах, которые они присылают или выставляют на своем сайте. Совершенного вообще ничего нет, а приближение к совершенству стоит очень дорого. Поэтому те последовательности, которые YFull выставляет на своем сайте, для расчетов, как правило, не подходят, уже на первых 12 маркерах у них два пропуска, поскольку мультимаркерные аллели их методология не читает. Но для некоторых справок, как референсный материал, эти последовательности полезны, но в основном для профессионалов. Я себе плохо представляю, кому из обычных любителей может понадобиться 376-маркерный гаплотип, да еще со многими пропусками. Из сказанного следует, что то, что YFull представляет – это то, что они могут представить. То, что они определить не смогли – нигде у них не спрятано, да и смысла в том, чтобы прятать отдельные аллели, нет.

>> *корректно ли указывать название субклада с отсутствующими в нём маркерами?*

Разумеется, корректно. Название субклада и вид гаплотипа – это в принципе разные системы. Уместно ли указывать пол человека, если у него/нее нет двух пальцев на руке? Или у него/нее голова квадратная? Это и есть разные системы в данном контексте. Субклад определяют не по маркерам в гаплотипах, и для этого не имеет значения, есть ли в гаплотипе пропуски, или гаплотип вообще неизвестен. Субклад определяется по другим признакам в Y-хромосоме. Например, первый

из названных Вами субкладов – это I2a1b2a1c, но эти индексы уже мало кто использует, и не только потому, что они не запоминаются, но и потому, что меняются каждый год. Поэтому записывают, например, I2a-Z17855. Он образовался в конце прошлой эры при случайной замене гуанина на аденин в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 18 миллионов 102 тысячи 497. Как видите, гаплотип здесь совершенно не при чем, с пропусками или без. Кстати, это субклад семьи славянских (в основном) субкладов гаплогруппы I2a от Адриатики до Балтики.

*>> есть ли какая-то возможность восполнения отсутствующих маркеров ...из других источников?*

Из моего ответа выше следует, что именно другие источники – единственный путь получения полного гаплотипа, если это Вам так нужно. Насколько «полный» – это следующий вопрос, и он зависит от того, а что, собственно, Вам нужно, и для чего? Поскольку Вы пишете – «в I-Z17855 отсутствуют DYS447, DYS568, DYS487, DYS572, DYS565», то ясно, что Вы ищете 67-маркерный базовый гаплотип. Видимо, единственный путь – это обратиться к базе данных гаплогруппы I2a FTDNA, найти там все гаплотипы этого субклада, если они там есть, выписать, и оттуда вычислить базовый гаплотип по наиболее часто повторяющимся аллелям, а заодно по числу мутаций проверить, действительно ли общий предок субклада жил примерно 2200 лет назад. Последнее нужно сделать, потому что в базе данных могут оказаться два-три родственника с одинаковыми гаплотипами, и Вы их примете за базовый. Это будет ошибкой. Как видите, каждая подобная задача сводится к небольшой исследовательской работе.

*Александр Васильевич говорит:*

[11.05.2016 в 20:31](#)

Большое спасибо, Анатолий Алексеевич, за комментарий. Вы значительно прояснили ситуацию для меня, как глубокого дилетанта в вопросах ДНК.

*>> Я себе плохо представляю, кому из обычных любителей может понадобиться 376-маркерный гаплотип, да ещё со многими пропусками.*

Конечно, меня не интересуют 376-маркерные гаплотипы YFull. Я только беру оттуда 111 маркеров в стандарте FTDNA и сопоставляю их со своим 111-маркерным гаплотипом, полученным из FTDNA. Этим я пытаюсь найти наиболее близких родственников. Только два снипа из тех, на которые в базе YFull представлены гаплотипы (I-CTS10228, I-Z17855, I-Y4460, I-S8201, I-Y3118, I-Y5598, I-CTS5779, I-S17250, I-Y5596, I-Z16971, I-A815, I-Z16983, I-Y6651, I-Y4882, I-A1328), оказались без пропущенных маркеров. Это I-CTS10228, отличающийся от моего на 9 мутаций, и I



S17250, отличающийся от моего на 10 мутаций. А в базе I2a FTDNA за апрель имеется 39 гаплотипов в 111-маркерном формате, субклада I-CTS10228, отличающихся от моего на число мутаций от 11 до 30 и шесть 111-маркерных гаплотипов I S17250, отличающихся от моего на число мутаций от 22 до 27. Как это можно интерпретировать? Ошибки округления аллелей?

>> Поскольку Вы пишете – «в I-Z17855 отсутствуют DYS447, DYS568, DYS487, DYS572, DYS565», то ясно, что Вы ищете 67-маркерный базовый гаплотип. Видимо, единственный путь – это обратиться к базе данных гаплогруппы I2a FTDNA.

Из базы I2a FTDNA я выжал для себя, кажется, всё что смог. Я не ищу 67-маркерный базовый гаплотип, так как не знаю, что с ним делать и как он мне может помочь. Как Вы думаете, стоит ли мне заказать в FTDNA анализ на снип I-P61 – единственный, предлагаемый там для анализа в ветке после S17250? С наилучшими пожеланиями Вам и Вашим коллегам.

*И. Рожанский* говорит:

[12.05.2016 в 01:24](#)

Уважаемый Александр Васильевич, Вы поставили перед собой задачу, как в песне на слова Ю. Кима: “прямо в “яблочко” попасть, почти не целясь”. Поясню. В ветви I-CTS10228, по самым скромным оценкам, насчитывается 30-35 миллионов человек по всему свету. Из них чуть больше 100 человек заказали себе 111 маркёров в FTDNA, причём многие не разместили свои данные в открытых проектах. Ветвь эта очень молодая, а потому гаплотипы её представителей образуют очень однородное облако, которое можно поделить на ветви только с помощью снипов. Насколько понимаю, Вы сами это хорошо знаете из своего опыта поисков на личной страничке в FTDNA. Причём сплошь и рядом приходится сталкиваться с ситуацией, когда снипы потенциального родственника неизвестны.

В такой ситуации найти человека, которого можно было бы однозначно считать родственником на уровне общего предка, жившего 1000 лет назад или позднее, – необыкновенная удача. В Вашей ветви я знаю всего несколько таких линий, и все они принадлежат либо тем, кто состоит в документально подтвержденном родстве, либо к этническим группам, в которых уровень коммерческого тестирования ДНК многократно превосходит тот, что сейчас у восточных славян. Все остальные пока рассеяны поодиночке. Очевидно, Вы относитесь к последним, и ситуация изменится к лучшему, когда тестирование пройдёт раз в 10 больше наших земляков, чем сейчас. Ждите или агитируйте своих однофамильцев, что нередко приносит результат.

Александр Васильевич говорит:

[12.05.2016 в 21:20](#)

Спасибо, Игорь Львович, за исключительно полезное для меня замечание.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[12.05.2016 в 02:35](#)

*>> Я только беру оттуда (YFull) 111 маркеров ... и сопоставляю их со своим 111-маркерным гаплотипом, полученным из FTDNA. Этим я пытаюсь найти наиболее близких родственников.*

Я не очень схватываю, как Вы можете таким сопоставлением найти родственников. Первый – это усредненный 111-маркерный гаплотип по сотне человек, который можно считать базовым, то есть предковым гаплотипом, хотя это каждый раз следует проверять. Например, если среди тех ста человек 15-20 оказались близкими родственниками, то усредненный гаплотип окажется перекошенным. Это маловероятно, но не исключено. На дереве гаплотипов это дало бы отдельную ветвь. Второй – это Ваш гаплотип. А где здесь «близкие родственники»? Вы их можете находить и без сопоставления с усредненным гаплотипом из YFull, просто прямым сопоставлением с Вашим гаплотипом. Если между вами пять мутаций (на 111-маркерных гаплотипах) – значит это транслируется в расстояние между вашими гаплотипами  $5/0.198 = 26$  условных поколений, то есть  $26 \times 25 = 650$  лет, правда, с немалой погрешностью,  $650 \pm 320$  лет. Если субклад тот же, то общий предок жил примерно  $325 \pm 160$  лет назад. Можно его назвать «одним из наиболее близких родственников»? Смотрите сами.

*>> Только два снипа из тех, на которые в базе YFull представлены гаплотипы... оказались без пропущенных маркеров. Это I-CTS10228, отличающийся от моего на 9 мутаций, и I S17250, отличающийся от моего на 10 мутаций.*

У всех гаплотипов в YFull, в том числе и тех снипов, что Вы указали, есть пропуски маркеров, начиная с 12-маркерного гаплотипа. 9 и 10 мутаций на 111-маркерных гаплотипах соответствуют примерно 1175 и 1350 лет. Первый образовался примерно 5500 лет назад, второй – 2200 лет назад. А число мутаций от них практически одинаково. Это означает, что что-то там не так, то ли первый (CTS10228) в YFull недотипирован, и это на самом деле более недавний субклад, то ли другие сложности, связанные с пресечением линий.

В целом же, должен сказать, что персональными интерпретациями на Переформате я уже заниматься не могу, такова договоренность и с Переформатом, и с Академией ДНК-генеалогии. Иначе мы здесь захлебнемся персональными данными. Помимо того, обидятся многие другие, для которых интерпретация их данных, подобной тому, что хотите сделать Вы, делалась за оплату, что помогает выживать Академии. Я за проведение интерпретаций через Академию никакой оплаты не получаю. Исключительно бесплатно.

>> Поскольку Вы пишете – «в I-Z17855 отсутствуют DYS447, DYS568, DYS487, DYS572, DYS565», то ясно, что Вы ищете 67-маркерный базовый гаплотип. Видимо, единственный путь – это обратиться к базе данных гаплогруппы I2a FTDNA.

Недавно И.Л. Рожанский создал общую базу по тысячам гаплотипов всех гаплогрупп на Русской равнине.

>> Как Вы думаете, стоит ли мне заказать в FTDNA анализ на снип I-P61 – единственный, предлагаемый там для анализа в ветке после S17250?

Не ошибаетесь? P61 – это снип в гаплогруппе S. Но если это маху дали FTDNA, и у Вас есть лишние 39 долларов, то почему нет?

*Александр Васильевич* говорит:

[12.05.2016 в 21:45](#)

Спасибо, Анатолий Алексеевич, за исключительно познавательные для меня комментарии. Мне остаётся только, вместе с искренней благодарностью, передать Вам и Вашим коллегам пожелания всего наилучшего и дальнейших успехов.

>> Не ошибаетесь? P61 – это снип в гаплогруппе S. Но если это маху дали FTDNA, и у Вас есть лишние 39 долларов, то почему нет?

В своём аккаунте на FTDNA по ссылке «Haplotree & SNPs» перехожу на «Your Predicted Haplogroup is I-P37», где на представленном дереве предлагается ряд снипов для анализа и среди них I-P61. И Вы хотите сказать, что я зря выбросил «потом и кровью» заработанное? Придётся подать на FTDNA в страсбургский суд.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

[13.05.2016 в 04:17](#)

Это, видимо, следствие «войны номенклатур» между поппенетиками. Снипа I-P61 нет ни в ISOGG, ни в YFull. Судя по Вашим словам, он есть в

системе FTDNA, а сам снип назван так в лаборатории М. Хаммера, которые начинают свою индексацию с буквы Р. Они, видимо, забыли, что уже назвали так снип в гаплогруппе S. С этими попогенетиками соскучиться невозможно. Но для Вас это создает дополнительную трудность – Вам надо понять, какому снипу в ISOGG и YFull он соответствует, иначе будет невозможно сравнивать с другими субкладами.

*Игорь* говорит:

[16.05.2016 в 15:04](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, можно ли по 37-маркерным гаплотипам делать предположение о принадлежности их к конкретным ветвям, которые характеризуются конкретными терминальными снипами и их нижестоящими субкладами? Насколько это может быть обоснованно? Например, можно ли по 37-маркерному гаплотипу определить, что он может относиться к ветви R1a-Z284-YP556 – R-CTS4027? Могу предположить, что некоторые маркеры в гаплотипе должны указывать на конкретные снипы, которые могут быть типированы при полногеномном анализе Y-хромосомы.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.05.2016 в 07:57](#)

*>> можно ли по 37-маркерным гаплотипам делать предположение о принадлежности их к конкретным ветвям, которые характеризуются конкретными терминальными снипами и их нижестоящими субкладами?*

Если «на глаз», то, как правило, нельзя. Исключения могут относиться только к редким вариантам мутаций в гаплотипах, практически уникальным для некоторых ветвей и субкладов. Например, DYS392=13 в гаплогруппе R1a относит данный гаплотип к реликтовым ветвям, которых в Европе только доли процента, у остальных DYS392=11. Еще вариант – DYS388=10 в гаплогруппе R1a относит, как правило, гаплотип к субкладу L664, поскольку в обычном случае R1a там DYS388=12. Иначе говоря, такие гаплотипы должны быть сразу узнаваемыми среди сотен и тысяч других.

*>> Могу предположить, что некоторые маркеры в гаплотипе должны указывать на конкретные снипы...*

Бывает, см. выше. Но, как правило, нет, и на это есть простая причина – аллели (то есть числа повторов при маркерах), которые часто называют «маркерами» (но это жаргон), время от времени мутируют, и числа сдвигаются. А когда они сдвигаются, то видимая связь со снипами

теряется. Например, DYS392=13 в примере выше может превратиться за счет мутации в 12, и сразу становится непонятно, это 13 → 12, или обычное 11 → 12. И таких примеров много.

Не исключено, что в 37-маркерном гаплотипе (поскольку вопрос о них) есть еще другие особенности, которые все-таки позволяют в совокупности отнести гаплотип к конкретному снипу с той или иной степенью вероятности, и на этом основаны специальные «предикторы». Например, для ряда снипов гаплогруппы R1a такой предиктор разработал И.Л. Рожанский, но при уходе в более глубокие снипы отнесение рано или поздно становится практически невозможным. Поэтому надо, как всегда, определиться с вопросом – какая цель ставится? Ставится задача отнесения к гаплогруппе, или к верхним субкладам гаплогруппы, или к глубоким субкладам? С какой точностью надо провести отнесение? Если точность и надежность важны, то надо определять именно снипы.

*Игорь* говорит:

[17.05.2016 в 21:17](#)

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич.

*Валерий Константинович Белильцев* говорит:

[08.05.2016 в 22:07](#)

**Тема: палео-ДНК**

Вопрос. Чтобы взять пробы и сделать генетический анализ останков в погребениях Энея, Антенора, Прибислава, как начать: выдать грант? кому? договориться с правительствами Италии/Германии? договориться с ЮНЕСКО? Каков реальный путь для запуска подобного проекта?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[09.05.2016 в 18:10](#)

Начать с того, чтобы осознать, что для этого нужно как минимум три фактора: (1) деньги, и немалые, (2) наличие технических возможностей, то есть соответствующей лаборатории и квалифицированного персонала, имеющего опыт в анализе ископаемых ДНК, и (3) иметь политический вес, чтобы договариваться с правительствами и соответствующими организациями и получать разрешения на вскрытия погребений и получение образцов. Грант сам по себе никто не даст, если нет решения факторов, кратко описанных выше. Даже если бы нашелся не очень адекватный мультимиллионер или миллиардер, который дал

бы деньги не глядя, то что с этими деньгами делать, если нет немедленного решения двух других факторов? А на их решение нужно время, и тоже немалое.

В принципе, подобные задачи решают несколько лабораторий в мире, которые решили все три вопроса. Но они выбирают объекты для исследований по своим соображениям, или что случайно подвернется, или как сработают персональные контакты, но славяне, венды и венеты – не их первичный интерес. Так что здесь надо рассчитывать на свои силы. А какие свои силы? Договор о создании партнерства, который по сути означает создание Лаборатории ДНК-генеалогии, подписан, и в течение трех-четырёх недель тестирование должно начаться, после завершения «логистики», которой немало. Первый год уйдет на массовое тестирование современников, что также заложит финансовую основу для последующего частичного перехода на ископаемые гаплотипы, что, возможно, произойдет к лету будущего года. Но испытания будут производиться и по ходу. Например, только что в партнерстве завершено тестирование нескольких образцов из древних хазарских захоронений, переданных профессиональными археологами, и открытия уже начинаются. Поскольку древних хазар пока никто в мире не тестировал, это будет хорошим шагом вперед. Публикация поднимет наш статус в отношении тестирования ископаемых гаплотипов, дело сдвинется. Будем продолжать сдвигать дальше.

*В.К.Белильцев* говорит:

[10.05.2016 в 21:18](#)

По поводу Энея/Антенора/Прибислава. Поскольку у меня не досужий интерес к этим трем личностям, то

1. Деньги это отдельный вопрос. Не думаю, что Лаборатория их быстро наработает или что ей стоит их тратить именно на этот проект. Его можно решить иначе.
2. Технические возможности – да, вероятно, они могут быть использованы от Лаборатории, если/когда она заработает. И если Академия и Лаборатория захотят именно этим заняться.
3. Остался вопрос по согласованию или по уже сработавшим археологам. Понятно.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

[11.05.2016 в 01:12](#)

Уважаемый В.К. Белильцев, читаю между строк, что Вы склонны к конкретному решению задач. Тогда предлагаю Вам в составе Академии ДНК-генеалогии вести данный Проект, хотя бы на стадии подготовки,

по типу бизнес-плана. Взгляните на типовые формулировки Проектов на сайте Академии, сформулируйте Проект, о котором идет речь, и далее, как в бизнес-плане, опишите конкретные действия, которые, как Вам представляется, нужны для реализации плана. Начните с того, какая цель и какой смысл в данной работе, кому и для чего могут понадобиться данные гаплогруппы-гаплогруппы, сколько денег в это предполагается вложить, кто, по Вашему разумению, вложит, и какой к тому интерес у инвестора. Какие поездки и куда нужны, какие нужны встречи и переговоры, и каковы ожидаемые результаты. Имейте в виду, что нужны не просто некие кости, а паспортизованные.

*Сергец* говорит:

[10.05.2016 в 05:32](#)

**Тема: тюркские языки и род (гаплогруппа) R1a**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Одним из участников группы [“ДНК-генеалогия как историческая наука”](#), представившимся филологом – сторонником анатолийской гипотезы происхождения индоевропейского языка, была выдвинута версия о том, что индоевропейский язык изначально – это язык носителей гаплогруппы I, а носители R1a и R1b – изначально были тюркоязычными. В качестве одного из обоснований этой версии приводится, например: “...Что касается R1a, также как и R1b то это, по современной терминологии, вероятнее всего “тюрки”. К примеру, если взять киргизов, у которых один из самых высоких процентов R1a, то у них в основе языка ничего индоевропейского нет. А в общеславянском есть тюркские слова, также и влияние в грамматике. Например, даже такие слова, как “верх”, “великий” – тюркского происхождения от ёрге (верх) и уллу, улук (великий). Можно и ещё примеры приводить. А в грамматике, например, такие словообразовательные частицы, встречающиеся в фамилиях и отчествах, как -ич, -ов (-ев), -ин имеют тюркское происхождение”.

На самом деле в сети часто можно встретить мнения об изначальной тюркоязычности носителей рода ариев – гаплогруппы R1a, видимо, сбивает с толку, что у скифов, часть которых, не без оснований, считают тюркоязычными, найдено R1a, как и у ряда современных тюркоязычных народов. Может ли указанная версия иметь под собой основания с точки зрения ДНК-генеалогии?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.05.2016 в 19:55](#)

Уважаемый «Сергец», этого филолога я знаю уже много лет, и с симпатией относился (и продолжаю относиться) за его стремление вернуть тюркским языкам достойный статус в российском языкознании.



Известно, что к тюркологам на протяжении десятков лет в СССР относились с подозрением, многих репрессировали, а впрочем, какие науки не пострадали в те времена? В этом отношении тюркологи ничем особым не выделяются по сравнению с представителями других научных дисциплин, естественных и гуманитарных. Но надо добавить то, что наиболее громкие депортации в Среднюю Азию были именно тюркоязычных народов. И после их возвращения отголоски этих болезненных процессов слышатся и до сих пор. Это, наверное, является причиной (или одной из причин) в отношении статуса тюркских языков в современном языкознании. Еще относительно недавно в Академии наук были суровые разборки в отношении «неоправданного удревнения тюркских языков», и сейчас, как результат этого, тюркские языки рассматриваются только в I тыс. н.э., с заглядыванием до 30-го г. до н.э. Древнейшим тюркским языком считают чувашский, с началом между 30-м г. до н.э. и самым началом эры. Древнейшим тюркским памятником считают Орхонские надписи 7-го века нашей эры (орхоно-енисейская письменность).

Масла в огонь подлило то, что скифские языки считают индоевропейскими, а именно «иранскими», от Алтая и до Балкан. Большинство тюркологов это не принимают, но официальная наука, как водится, их не слушает. Я был свидетелем этой реакции тюркологов на карачаево-балкарской конференции, ощущение полной дискриминации их представлений «официальной тюркологией» там было совершенно очевидно. А официальную тюркологию там представляла официальный тюрколог, чл.-корр. РАН А. Дыбо, которая не говорит ни на одном из тюркских языков, по ее собственному признанию.

Все это порождает, естественно, обратное сопротивление тюркологов, и неизбежные их преувеличения роли тюркских языков в практически всех языках мира. Как многие еврейские филологи (или под них поддельвающиеся) считают, что все языки мира произошли от иврита, так и многие тюркские филологи (или под них поддельвающиеся) считают, что все языки мира произошли от тюркских языков. Все это основано на созвучиях и похожестях, а поскольку тюркский язык состоит в основном из коротких слов, то можно делать любые их комбинации и подгонять подо что угодно. Один из таких энтузиастов – Ю.Н. Дроздов, и в своей недавно вышедшей книге «Моски, русы и Московское государство» любые русские слова, географические и исторические термины, имена – все послогово «расшифровывает» как тюрские. Например, Суздаль – как Суз-даль, у обоих слогов есть тюркские эквиваленты, получается «ветвистая речь». То же самое, Муром расшифровывается как Му-ром, «община срубников». Далее Костр-ома («община прижимистых»), Ях-р-ома («община сторонних мужей»), поселок Акатово – ак-ат-ово («род белокожных»), Москва – нет проблем,



моск-ова, где есть тюркское слово «оба» – род или племя, а «Моск» – от названия некоего мускусного животного. Ки-ев, тоже тюркское слово, Рюрик, имя Игорь – нет проблем, Иг-орь. Хотите Владимир – пожалуйста, В-оло-димер («почтенный», «крепкий, как железо»). Тоже тюрк.

Огромное количество тюркологов занимаются тем же самым. Это для них – благодатная почва. Только этим, к сожалению, они дискредитируют свою главную задачу – показать высокий статус тюркских языков в языкознании, изучить и доказать его древность, роль в складывании других языков мира, наряду с языками индоевропейскими, семитскими, угорскими, алтайскими и другими (часть из них пересекаются в номенклатуре). Мы уже знаем, что современные мужчины произошли от одних общих предков, которые жили примерно 64 тысячи лет назад, вот тогда, получается, язык был концептуально один. Картина могла быть несколько более сложной, но суть одна. Ясно, что «ностратический язык», который помещают на 14 тысяч лет назад, и близко не мог быть «единым языком» на планете или даже в Евразии. К тому времени потомки тех, кто выжил 64 тыс. лет назад, уже дошли и до Австралии, и до Америки, и разошлись по всей Евразии. Но элементы общих древних языков везде остались, причудливо переплетаясь в результате процессов конвергенций и дивергенций языков. И не только со времен 64 тыс. лет назад, но и значительно более поздних. Так, в семитские языки явно попали арийские элементы, в угорские – арийские, возможно и наоборот. В селения приходили жены со своими языками, учили им детей, пока мужья были на охоте или в военных походах. Поэтому «чистых» языков не бывает.

Я отнюдь не лингвист, но им и не надо быть, чтобы понимать, что носители компактной (поначалу) гаплогруппы R1b, эрбины, имели свой язык, который, конечно, тоже был унаследованным или приобретенным. Или он был унаследован от родительской гаплогруппы R1, или приобретен от носителей других языков, возможных сценариев много. Похоже, что он был унаследован, и являлся древним вариантом прото-тюркских языков, бывших в ходу в Южной Сибири 30-20 тысяч лет назад, и, естественно, раньше и позже этого времени, меняясь в своей лексикостатистической динамике. Названия этим языкам у лингвистов нет, поэтому я ввел название языка «эрбин», чтобы его обозначить. Возможно, лингвисты признают его эквивалентом прото-тюркских языков, возможно, согласятся, что это был предковый язык того, что С. Старостин назвал «дене-кавказским». Этот язык эрбины пронесли по всей Евразии на протяжении как минимум 19 тысяч лет, с периода 22 тысяч лет назад до 3 тысяч лет назад или даже позже. Ясно, что за это время эрбин изменился до неузнаваемости, и сейчас его фрагменты называют языками кетским, бурушаски, тибетскими, эламским, шумерским, северо-кавказскими, иберским, баскским и так далее. На

нем, видимо, говорили скифы и сарматы гаплогруппы R1b, и они принесли эти языки на Кавказ, а 4000 лет до них те же языки, но в более ранней и почти неузнаваемой форме, принесли потомки ямной культуры. 5000 лет назад эрбины принесли его на Пиренеи, и он стал языком басков и языком ранней культуры колоколовидных кубков.

О языке носителей гаплогруппы R1a мы знаем только то, что 9-10 тысяч лет назад они проходили по Анатолии, и не только проходили, а жили там. И то мы не то чтобы знаем, но это, на мой взгляд, наименее противоречивая гипотеза. Далее они прошли в Европу, примерно 5500 лет назад носители R1a, уже R1a-Z645, разошлись на ветви, и одна ветвь (с подветвями, которые лингвисты называют иранской и индоарийской) ушла на юг, юго-восток и восток, на Южный Урал, в БМАК и в Зауралье, а другая осталась на Русской равнине, в составе шнуровой и фатьяновской культуры. Это было в то же самое время, когда по данным археологов (и лингвистов, хотя последние приближают датировку на 500 лет) арии разошлись на иранскую и индоарийскую ветви примерно 4500 лет назад. Это совпадает и временами культуры шнуровой керамики, той же R1a, и через 200 лет начинается, по оценкам археологов, фатьяновская культура. Таким образом, как шнуровики, так и фатьяновцы, определенно говорили на диалектах арийского языка. Никаких причин полагать, что они говорили на тюркских языках, нет.

Как видите, здесь вообще не затрагивается тот вариант, что арии якобы переняли ИЕ языки в Европе у кого бы то ни было. То, что арии принесли в Индию, Иран, Митанни, Малую Азию ИЕ языки – это факт. То, что носители R1a говорили на пра-ИЕ в Анатолии или на Балканах (другая гипотеза) – это гипотезы, которые разделяют многие лингвисты. Для того, чтобы R1a переняли у кого-то ИЕ языки в Европе, для этого просто нет ни места, ни оснований. Это просто «лишняя сущность», и я просто не понимаю, зачем ее вводить, с какой целью, и где для этого хоть какие данные? В чем потребность-то? Тем более, что конкретизировать, что это была гаплогруппа I. Почему не G2a, не J, не F, не H, откуда такое желание строить свои представления на пустом месте, и столь некритично?

Соображения про киргизов, что в их языке «нет ничего индоевропейского»... Опять примитивное представление. Я знаю лично много потомков североамериканских индейцев, и в их языке нет ничего от индейских языков. Пушкин тоже по-эфиопски вряд ли говорил. Нужно вообще всего пара поколений в другой среде, и корреляция между гаплогруппой и языком полностью потеряется, а у Пушкина – между языком предков-эфиопов и языком Арины Родионовны. А переехал бы в Эфиопию, через пару поколений у его детей исчез бы ИЕ язык.

Тот же лингвист не так давно объявлял, что славяне от тюрков произошли, и что R1a у них имеет тюркское происхождение. Он просто не знал, что у тюрков в подавляющем большинстве случаев R1a-Z93, а у славян – R1a-Z280 и R1a-M458, плюс гаплогруппа I2a, и некоторая доля N1c1.

Сергей говорит:

[12.05.2016 в 15:40](#)

**Тема: евреи в Индии, полногеномные исследования**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! [Очередная статья погнетиков](#), сообщается следующее:

*“Генетики доказали родство индийцев с евреями. Группа генетиков из Тель-Авивского университета, Корнелльского университета и медицинского колледжа имени Альберта Эйнштейна доказали, что община индийских евреев Бней-Израэль, живущих в окрестностях Мумбаи, действительно имеет общие корни с евреями. Исследование опубликовано в журнале PLOS ONE. Ученые изучили геномы 18 представителей Бней-Израэль, сравнив их с геномами 486 человек из еврейских, индийских и пакистанских групп”.*

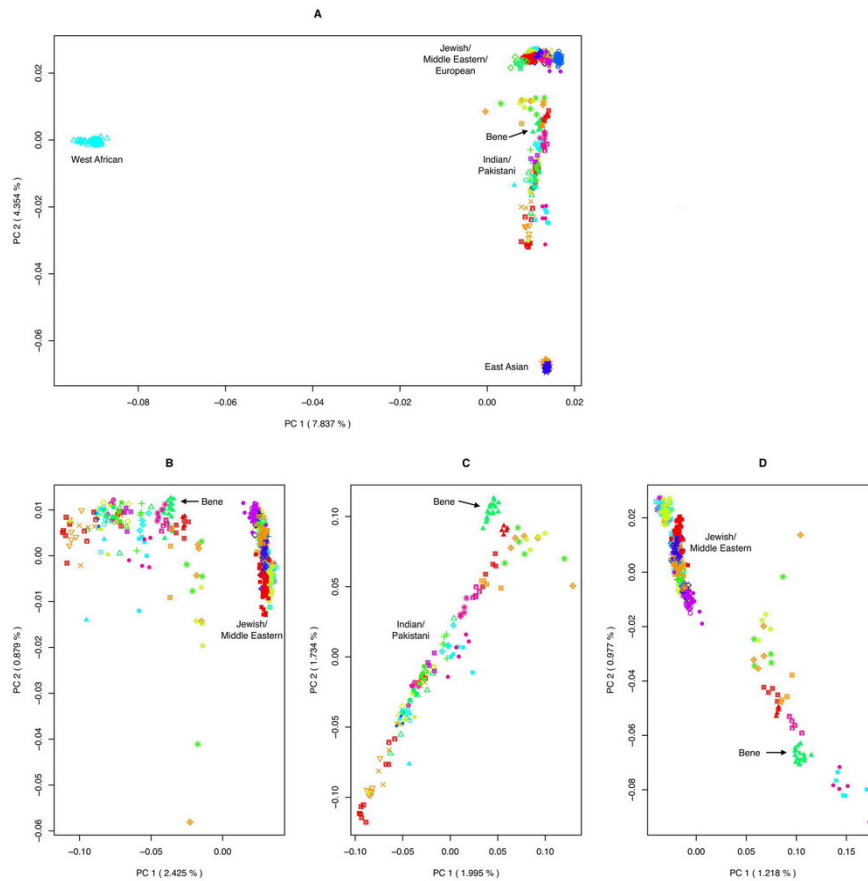
Исследование интересное. Судя по подаче материала исследовался полный геном, есть ли информация по гаплогруппам? Известно ли Вам чтонибудь по этим группам людей?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.05.2016 в 03:48](#)

*>> Генетики доказали родство индийцев с евреями.... Ученые изучили геномы 18 представителей Бней-Израэль, сравнив их с геномами 486 человек из еврейских, индийских и пакистанских групп”. Исследование интересное. Судя по подаче материала исследовался полный геном, есть ли информация по гаплогруппам?*

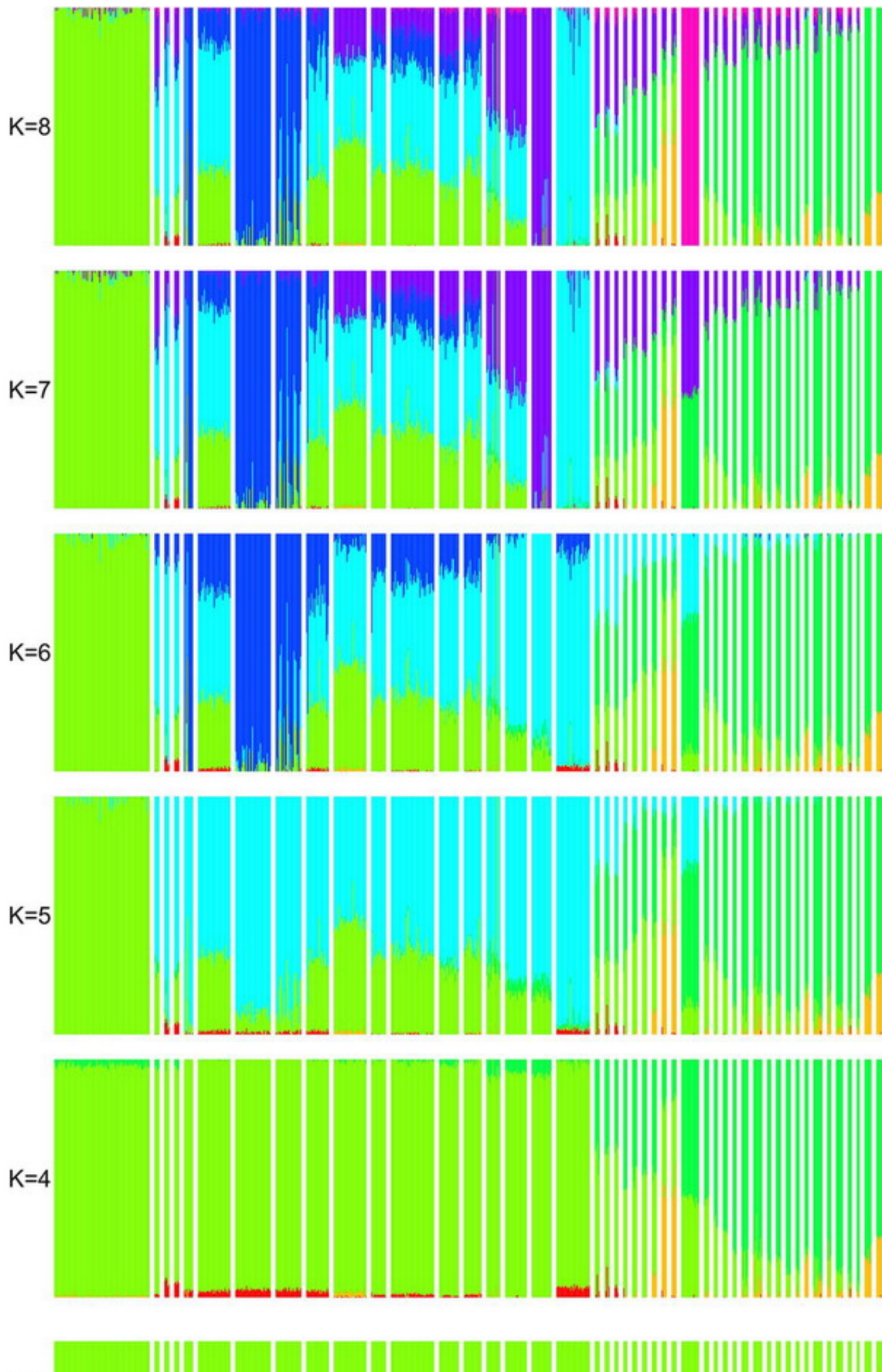
То, что я критичен по отношению к подобным исследованиям погнетиков, имеет основу. Не лежит у меня душа к этой акробатике. Честно говоря, для меня исследование неинтересное. Ну, смотрите сами. Ниже – одна из основных диаграмм статьи (кликабельно).



Это – так называемый «метод основных компонент», перенесенный из допотопных статей по популяционной генетике в геномную популяционную генетику. Суть его – сравнивать данные, и находить «похожести». Что там откладывают на осях – в данном случае не имеет значения, задача – найти похожесть. На рис. А – в верхнем правом углу представление геномов евреев, жителей Ближнего Востока и европейцев. Видно, что представители «Бене Израиль», как себя называют те индийские евреи, не там, они ближе к типичным индийцам и пакистанцам. То же и на картинке В – не с евреями и ближневосточными людьми. На картинке С Бене далеки и от индийцев-пакистанцев. Европейцев там не выделили, видимо, уже поняли, что далеки. На картинке D Бене опять далеки от евреев и ближневосточных людей.

Уже понятно, что или Бене далеки от евреев, или «метод главных компонент» – так, пустышка. Скорее всего, второе, и это давно было ясно. Поэтому авторам надо было сделать акробатику, и показать, что Бене все-таки евреи не только по вере, но и по генетике. Что, скорее всего, так и есть, евреями просто так не называются, обычно это рано или поздно выходит боком. Поэтому должна быть сильная вера, а дыма

без огня обычно не бывает. Поэтому остальная часть статьи состояла в том, чтобы это как-то показать. Строили графики «admixture», то есть генетических примесей, которые разгоняют популяции по кластерам, меняя число этих кластеров. Чтобы было понятно, это как бы взяли усредненный геном этнических русских, в котором есть восточные славяне, южные славяне и балтийские славяне, плюс десяток-полтора минорных групп, и стали разгонять их по числу кластеров, чтобы лучше описать смесь. При  $K=1$  (то есть моделирование одним кластером) оказалась какая-то одноцветная диаграмма, ясно, что что-то не то. При  $K=2$  стало что-то расходиться на два цвета, при  $K=3$  - на три цвета, при  $K=4$  пошли какие-то новые компоненты, и так до  $K=15$  или больше, и все разные диаграммы. Примесей и минорных вариантов много. После этого популяционисты садятся в круг и начинают чесать головы, что выбрать. Сколько там на самом деле компонентов, и какую диаграмму выбрать. Вот такая наука. В данном случае опубликовали картинку для  $K=3, 4, 5, 6, 7, 8$ , и написали, что больше всего нравится картинка с  $K=6$ . Бене - это узкая вертикаль в правом сегменте, с полностью лиловой верхней панелью (при  $K=8$ ). Почему именно выбрали картинку при  $K=6$  - не поясняют. Наверное, потому, что при  $K=7$  уже выползает темно-синяя полоса, которую объяснять нужно. А при  $K=8$  уже вся панель становится однородной, лиловой, какой ни у кого больше нет. Могли бы сказать, что Бене - это инопланетяне, но не сказали. Вместо этого акробатика закончилась тем, что сказали, что Бене по генетике ни на кого не похожи, уникальны.



Правда, первая фраза из цитаты выше – «Генетики доказали родство индийцев с евреями» из приведенных диаграмм никак не следует. Понятно теперь, почему мне этот подход не по душе? Но авторы на этом не остановились, сделали еще пару сальто-мортале, и решили, что на евреев те Бене все-таки похожи. Могли бы, как я полушутя выше, заключить, что они от инопланетян, ранг этого заключения был бы таким же. Но авторы пошли дальше и сказали, что мужчины у Бене – от евреев, а вот женщины – местные. Здесь, конечно, встает вопрос, а почему бы не привести гаплотипы и гаплогруппы тех 18 мужчин Бене, геномы которых рассматривали? Сразу бы стало ясно. Но они ни гаплогрупп, ни гаплотипов не показали, хотя из геномных данных это можно бы получить очень легко. YFull одной левой получают 236-маркерные гаплотипы из геномных данных. Выходит, авторам это не захотелось, по своим причинам. Никаких гаплотипов-гаплогрупп в статье нет. О степени грамотности авторов статьи в этих вопросах можно понять из фразы, со ссылкой на стороннюю работу – «анализ Y-хромосомы показал, что обычная индийская гаплогруппа почти отсутствует у мужчин Бене Израиль». Это какая же «обычная индийская гаплогруппа»? H? J2? R1a? L? Q? O? C? R2? В общем, те же и оне же...

Сергей говорит:

[14.05.2016 в 03:47](#)

На примере недавно опубликованного исследования популяционных генетиков по евреям в Индии Вы подробно проиллюстрировали как работает “метод основных компонент” в полногеномных исследованиях, то есть метод сравнения данных и нахождение “похожестей”. В сети можно встретить расхожее мнение, что полногеномные исследования значительно информативнее в исторических интерпретациях, чем исследования негеномных участков Y-хромосомы. Как представляется, это мнение зиждется на неточном понимании сути понятия “полногеномное исследование”, то есть когда неспециалист читает или слышит фразу “исследовался полный геном”, он интуитивно представляет, что если в названии присутствует слово полный, то исследовалось всё досконально, “вдоль и поперёк”, исследовать больше нечего, а значит оно максимально информативное. Подпитывается это заблуждение тиражируемым популяционными генетиками пассажем, что “Y хромосома всего лишь ничтожная часть генома, а значит её исследования менее информативны, чем исследования полуго генома”, правда, не уточняется для чего “менее информативны”. С учетом изложенного, поясните пожалуйста:

1. Что такое полногеномные исследования (что конкретно исследуется в геноме, какова цель исследования, какой результат предполагается получить, для чего используется результат)?

2. Как (на основе какого метода) определяются датировки в полногеномных исследованиях?

3. Насколько информативны полногеномные исследования для получения сведений исторического характера и соответствующих исторических интерпретаций?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[14.05.2016 в 08:47](#)

*>> В сети можно встретить расхожее мнение, что полногеномные исследования значительно информативнее в исторических интерпретациях, чем исследования негеномных участков Y-хромосомы.*

Уважаемый «Сергей», мне, откровенно говоря, совершенно неинтересны «расхожие мнения в сети», и я не собираюсь их разбирать. Это тем более неинтересно, что авторы этих «расхожих мнений» о том, что более информативно, не в состоянии показать это на конкретных примерах. А язык – он без костей. Мне также неинтересно, что себе «интуитивно представляет» неспециалист, когда он «читает или слышит фразу “исследовался полный геном”».

Любые геномные исследования популяристами проводятся по картине слайдов, которые анализирует компьютер. Компьютер сортирует фрагменты ДНК, пытаясь разобраться по набору слайдов, какая причина похожести фрагментов – они похожи случайно, или они похожи потому, что несут последовательности, которые имеют определенные генетические функции, и потому обязаны быть похожими у разных людей, или они похожи потому, что образуют наследственные группы. Решение никогда не может быть однозначным, оно может быть только вероятностным с той или иной степенью достоверности. Поэтому полученные множества всегда являются пересекающимися. Вручную такие исследования делать невозможно, поэтому работа проводится компьютером. Для этого создано множество расчетных программ, и в статьях геномных популяристов текст пестрит названиями этих программ. Четких расчетных формул, как в ДНК-генеалогии, на которых легко показать, как проводятся расчеты, у геномных популяристов нет, это всегда численные моделирования со множеством вводимых параметров, допущений и приближений. Поэтому описания в статьях всегда вязкие, уклончивые, неопределенные, для них выработан некий птичий язык, и читать их статьи человеку с естественнонаучным образованием просто муча.

В той статье, о которой идет речь – о племени Бене в Индии, описание идет в постоянном стиле, что «так показал компьютер». Расчеты времен проводились в допущении, что происходили «admixtures», то есть



примешивания изучаемых популяций, и компьютер, в приближении авторов, показывал разные степени этих admixtures у разных геномов, из этого численным моделированием проводили подгонку того, что показывает компьютер, под такую формулу

$$y = Ae^{-nd} + c$$

где  $n$  - число поколений, а  $d$  - генетические расстояния (в морганах),

или такую

$$y = Ae^{-2Dt_1} + Be^{-2Dt_2} + c$$

где  $t_1$  и  $t_2$  - числа поколений после прохождения бутылочных горлышек популяций, а  $D$  - опять же генетические расстояния. Остальные индексы - константы. Это дают программы ALDER и GLOBETROTTER, последний в паре с программой BEAGLE, плюс программа CHROMOPAINTER, для представления данных. Я не знаю, насколько эти расчеты достоверны, но исхожу из того, что они что-то показывают, а вот что они показывают - нужны независимые расчеты с использованием другого метода, например, по гаплотипам с использованием подходов ДНК-генеалогии, но авторы так не делают. У популяционных генетиков общий принцип - что получили, то и получили, и нечего проверять.

Цель данного исследования состояла в том, чтобы показать, что индийцы Бене являются евреями. Вы же сами процитировали популярный источник - «Генетики доказали родство индийцев с евреями», и Вы сами видели, что сходу это не получилось, и что после этого пошла акробатика, потому что надо было это показать. А для чего результат используется - ясно, для чего. В нашей книге «Евреи и пуштуны Афганистана» (2015) на разных примерах описывается, как Израиль выдает солидные гранты для того, чтобы исследователи находили корни евреев у разных народностей мира. Зачем это нужно - не спрашивайте, им виднее. Большие гранты предназначались тем, кто покажет, что пуштуны - потомки евреев, но мы впервые и ясно в той книге показали, что это не так. А ряд исследователей получили на то же гранты, и исчезли, никаких вестей от них не поступило. Мы, правда, обошлись без грантов Израиля, показали, что пуштуны - не евреи, за свои деньги.

На Ваш вопрос - насколько информативны такие популяционные «исследования для получения сведений исторического характера и соответствующих исторических интерпретаций?» я отвечу так, что

информативности и пользы я пока не видел, а видел пока наоборот. Целый ряд таких исследований разобран на «Переформате», выводы все видели. Последней была погеномная работа, что ямники (R1b) якобы породили шнуровиков (R1a), и к тому же принесли индоевропейские языки на запад, в Европу. Ну какая там информативность и достоверность? Позор, да и только, и не случайно профессиональный археолог назвала это «псевдонаукой», и добавила, что они и понятия не имеют, о чем пишут. И причина этого в целом ясна – там, где легко оперировать четкими и ясными параметрами, как гаплотипами и гаплогруппами с субкладами, погеноетики создали целое поле совершенно мутных описаний и представлений, генерируя совершенно невразумительные, а порой и откровенно ложные выводы. А то, что Y-хромосома маленькая и потому неинформативная – это верх глупости. В ДНК-генеалогии не размер нужен, а метка, за которой легко проследить. Поплавок на удочке тоже маленький и потому и неинформативный, так, получается? Однако когда клюет, он очень даже информативный. Надо же соображать, для каких задач гаплотипы и гаплогруппы-субклады Y-хромосомы используются. При чем там размер? А вот в разбираемых геномных исследованиях при намного большем размере генома полученные датировки такие, цитирую две из них:

- The admixture took place in the last millennium, about 19-33 generations ago;
- most contemporary Indian populations are a result of ancient admixture (64-144 generations ago) of two genetically divergent populations: Ancestral North Indians (ANI), and Ancestral South Indians (ASI).

Поскольку авторы принимают за поколение 29 лет, ну, так они захотели, обоснований нет, то у них получается, что в Индии есть две популяции – обобщенная северо-индийская, и обобщенная южно-индийская, и вот у них приключилась admixture где-то 1856-4176 лет назад, или если округлить – то где-то между 1900-4200 лет назад. Очень информативно для исторических интерпретаций, не так ли?

*Сергей* говорит:

[14.05.2016 в 23:57](#)

В общем, резюмируя, полногеномные исследования погеноетиков – это такая напичканная разными зверюшками шляпа, из которой фокусник, пардон, погеноетик с помощью неких иллюзионистских трюков достает необходимого заказчику кролика.

*Геннадий* говорит:

[15.05.2016 в 17:37](#)

В PLOS'e есть отсылка на январскую статью в Nature, где имеется табличка [“The paternal haplogroup sharing of West Indian \(Maharashtra\), South Indian \(Kerala\), Indian Jewish and other World Jewish populations”](#), где есть гаплогруппы не только Indian Jewish 1 (Bene Israel) с J2-M172 на первом месте, но и Indian Jewish 3 с R1a-M198, и Indian Jewish 4 с PQR2. Указаны и гаплогруппы для Marathi (West Indian) и South Indian, у которых на первом месте H-M69 и F-M89 соответственно.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.05.2016 в 08:00](#)

Эти данные получены другими авторами и с другой выборкой Бене Израиль (мумбайских евреев в Индии), но она полезна для оценки общей ситуации. Выборка другая – потому что в той статье, которую мы обсуждали выше, изучали геномы 18 Бене, а в данной статье их 31 человек. В этой, более многочисленной выборке, среди 31 Бене имеется 6 человек с гаплогруппой J1, 13 человек с гаплогруппой J2, и два человека с гаплогруппой R1a. Для сравнения, изучали и других евреев (южной) Индии, но у тех структура населения другая – гаплогруппы J1 нет, J2 как обычно в Индии, то есть между 7% и 20%, и гаплогруппы R1a у одних 36%, у других 9%.

В данной выборке индийские евреи Бене по гаплогруппам похожи на евреев Европы и Ближнего Востока. Но тогда остается непонятным, почему геномный анализ евреев Бене из выборки в 18 человек, которую мы рассматривали ранее, это не выявил. Если посмотрите выше, то увидите, что «метод главных компонент» во всех случаях помещал Бене вдали от евреев Европы и Ближнего Востока. Наиболее простое и неприятное для популяризаторов объяснение – что их методология никуда не годится. Иначе говоря, сортировка компьютером каши из геномных фрагментов дает полный раздрай. И это относится не только к данной работе, а и ко всем другим. На этот раздрай накладывается гадание в форме «интерпретаций», и получается нечто, чему приличного названия нет.

Как видите, если гаплогруппный состав двух выборок этих двух статей похож, то ответ на вопрос «похожи ли Бене Израиль на евреев» решается в одно касание – да, похожи, и не надо было этот геномный огород городить, с их «методом компонент» и «admixtures», которые все равно не дали никаких путных результатов.

[Сергей](#) говорит:

[08.06.2016 в 23:29](#)

[Здесь](#) подробно расписано, для чего понадобилась эта возня с похожестями и какими методами пользовались, а также, что из себя представляют эти методы, “метод компонент” только один из них.

*Alexander Astafiev* говорит:

[12.05.2016 в 23:01](#)

### **Тема: рыжеволосые люди**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Я длительное время работал дерматовенерологом и отметил, что рыжеволосые люди значительно биологически отличаются от остальной человеческой популяции. Распространение рыжеволосости связано с мутацией в гене MC1R на 16 хромосоме и коррелирует с распространением и путями миграции носителей R1b. Изучая статьи, я нашел тому подтверждение [здесь](#). Рецептор меланкортина MC1R кодирует белок – меланокортиновый рецептор первого типа, который участвует в сигнальных путях, приводящих к выработке темного пигмента эумеланина. Чаще других встречаются различные однонуклеотидные замены в гене MC1R, 80% людей с рыжими волосами или со светлой кожей имеют вариант MC1R, который производит нерабочий белок. Снимки в этом гене также связаны с проявлением пигментных пятен. Если идею выразить упрощенно то:

1. Рыжий цвет волос обусловлен мутацией в гене MC1R.
2. Мутировавшая аллель (выключенный ген или дефицит функции) обуславливает различные оттенки рыжего цвета.
3. Снимки в мутировавшей аллели обуславливают обуславливают пятнистость кожи (конопатотость).
4. Носители MC1R мигрировали из южной Сибири в Западную Европу, по пути оставляя след в виде популяций, в которых присутствуют R1b и мутировавший MC1R, что коррелирует с вашими данными.
5. Отбор индивидов для генетического тестирования можно производить визуально.
6. Ген MC1R легко выделяется из слюны и соскоба с внутренней поверхности полости рта.
7. Дальнейшая математическая обработка аналогична той, что вы применяете к гаплогруппам Y-хромосомы.
8. Данные по рекомбинантным хромосомам могут являться проверкой выводов, полученных для нерекомбинантных частей человеческого генома (Y-хромосома и митохондрий).

Если вас интересуют мои соображения, то можем обсудить детали, которых много.

С наилучшими пожеланиями,  
Alexander Astafiev  
MD, PhD, MBA.  
Las Vegas, Nevada.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.05.2016 в 14:58](#)

>> *Распространение рыжеволосости связано с мутацией в гене MC1R на 16 хромосоме и коррелирует с распространением и путями миграции носителей R1b.*

Уважаемый Александр, все это интересно для людей соответствующей специальности, но когда уже есть метка в виде гаплогруппы R1b, да еще с 871 субкладом, каждый из которых тоже является меткой, то какой практический смысл заменять это одной меткой в виде мутации в гене, и таким образом колоссально огрублять получаемые данные и пути миграций?

Если Вы действительно заинтересованы в разработке такой методологии, то карты в руки, покажите на конкретных примерах, что Ваша методология покажет такого, что не смогло показать тестирование на R1b и субклады-гаплотипы, и какие загадки удалось решить, которые не смогло решить тестирование на R1b и субклады-гаплотипы. Тогда я Ваш сторонник в продвижении новой методологии.

*Alexander Astafiev* говорит:

[14.05.2016 в 08:27](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Хочу объяснить, какие мотивы сподвигли меня предложить исследовать ген MC1R. Вы относитесь к ученым, которые делают науку, а не занимаются ею. Но то, что вы наделали, выходит далеко за рамки генетики и химии. Вы не только отправили в утиль разделы истории и археологии, но лишили западных политиков и public relation specialists “первородства”, это не прощается. Ваши конфликты с попгенетиками – только начало. Я буду очень рад, если ошибусь в своем прогнозе.

Суть моего предложения в следующем. Найти подтверждения вашим выводам в смежных разделах и выстраивать эшелонированную оборону. То, что ваша методика обладает более высокой чувствительностью и специфичностью, у меня не вызывает сомнений. Однако исследование рекомбинантной хромосомы поможет также объяснить некоторые явления, которые остаются необъяснимыми при исследовании только отцовской линии наследования.

В завершении моего сообщения хочу обратить внимание на факт, что на гендерные исследования находятся финансы и гранты, а вам приходится заниматься crowd funding. Это показывает реальное отношение научных баронов к вам. Хочу подчеркнуть, что высоко оцениваю сделанное вами и восхищаюсь Вашим научным мужеством.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[14.05.2016 в 17:04](#)

Уважаемый Александр, спасибо за теплые слова. Сначала – о сути того, что Вы предложили, а именно об использовании гена MC1R, принимая его как маркер рыжеволосости, и рассматривая его как прокси гаплогруппы R1b в ходе древних миграций. Возможно, в древности так и было, сейчас же, конечно, далеко не все носители гаплогруппы R1b являются рыжими, хотя у ирландцев этот цвет волос выражен, но опять же не у всех. У французов и прочих испанцев с голландцами гаплогруппа R1b тоже доминирует, однако, доля рыжеволосых там вряд ли намного больше, чем у других. И, в общем, понятно, почему не все R1b рыжие, хотя даже исходную посылку надо многократно доказывать. Этот ген находится в рекомбинантной части хромосомы, поэтому маловероятно, что он столь устойчивый, что при рекомбинации настойчиво побеждает на протяжении сотен поколений. Потому-то и находкой было использовать Y-хромосому, а именно ее снип-мутации и гаплотипы, как метки, которые неистребимы при рекомбинациях. Ее можно истребить только с самим конкретным человеком.

Поэтому если не настаивать на полной симбатности гена рыжеволосости с R1b, то, что Вы предлагаете – это изучение древних миграций рыжих. Не думаю, что историки будут в восторге от такой постановки задачи и ее значимости для изучения древней истории.

Поэтому первый этап – это обоснование гипотезы. Технически это сделать относительно просто на данном этапе – в геномных базах данных есть уже много геномов ископаемых носителей R1b – это хвалынская и ямная культуры, культура колоколовидных кубков, два древнейших эрбина в Испании, возможно, и получится выйти на геном Тутанхамона, если убедить Захи Хавасса в том, что это позволит показать, что фараон был вовсе не европейцем R1b, а древнее их. И напротив, показать, что древние носители других гаплогрупп этого гена не имели. Тогда получится, что этот ген возник в среде носителей гаплогруппы R1b, и за их пределы не вышел на протяжении тысячелетий (что странно, ну да ладно). Поскольку некоторые исследователи считают, что ген лактазы, или в целом ген(ы) лактозной толерантности тоже возникли в среде R1b, то вот уже сопряженные задачи.

Но в отношении «подтверждения выводов» и «выстраивать эшелонированную оборону» в отношении исторических наук у меня здравый скептицизм. Если мы видим миграции эрбинов напрямую, по специфичным меткам R1b, да еще по субкладам, то что даст то, что миграции рыжих с ними совпали? Как это может усилить выводы изучения миграций? Это интересно для генетики, а именно что ген MС1R существует, или экспрессируется только у носителей снп-мутации M343, или L23, или любой нижеследующей (мы ведь и этого не знаем). Но для исторических наук, думаю, никакого дополнительного усиления данных и выводов не получится. Там проблема в другом.

И в связи с тем, где там проблема, приведу маленькую историю. Хорваты прислали мне на днях копию статьи под названием «Four questions for those who still believe in prehistoric Slavs and other fairy tales», то есть «Четыре вопроса для тех, кто все еще верит в доисторических славян и другие сказки», опубликованную в хорватском журнале американским профессором археологии хорватского происхождения. Забавно, что первый вопрос такой – если этничность славян определяется их языком, то как люди могли быть славянами, если они не говорили на славянских языках? Иначе говоря, сначала дается ограничивающее определение, и тогда все, что выходит за его пределы, объявляется несуществующим. Второй вопрос – где точно находилась прародина славян, и какая археологическая культура этой прародине соответствует? Третий – почему нет археологических свидетельств миграций славян на Балканы? Четвертый относился к «специфической форме социальной организации» славян, и того, что автор не мог найти ее в Восточной Европе. Я написал автору письмо, и дал ссылки на несколько работ по ДНК-генеалогии, и заодно на «Переформат», потому что автор явно в ладах с русским языком, и цитирует много статей на русском языке. Он ответил мне в тот же день, написав, что он не верит ни в какие исследования ДНК в отношении этничности, потому что это все равно, что измерять черепа в поисках ариев.

Замечаете проблему? Он не понимает, что ДНК-генеалогия поисками этничности не занимается, а уж про сопоставление с измерениями черепов нечего и обсуждать. Поэтому переписку я тут же прекратил, и на его письмо не ответил. Тем более что он явный славянофоб, судя по его фразе о том, что историки, изучающие раннее славянство, напоминают змею, поднимающую из-под земли свою «безобразную голову».

Так вот, когда у некоторых (многих) историков такой взгляд, что ДНК-генеалогия – это все равно, что черепа измерять, то это означает, что они сами выстраивают вокруг себя эшелонированную оборону. Не мы выстраиваем, а они. И их миграции рыжих совершенно не интересуют,

как, впрочем, и миграции носителей гаплогрупп R1a или R1b, как и любых других.

Ну и заключение о другом. О том, что «не прощается», и что «конфликты с поппенетиками – только начало». Начало чего? Я же ведь полностью независим, мне от них деньги не нужны, не нужны от них и гранты, квартиры, машины и прочие льготы, степени и звания, у меня всё это есть. Они на меня нападают в сети, я в ответ пишу книгу. На самом деле они на меня не нападают, они занимаются самозащитой. Это им нужны гранты и деньги, степени и звания, сохранение позиций, надувание щек. Это они борются за то, чтобы цитируемость не рассматривалась как показатель научного вклада, а я в своей последней книге показываю, почему они борются, у них эти показатели ниже младших сотрудников. Для меня это развлечение, для них – выживаемость. Потому они в истерике.

Собственно, именно потому, чтобы не тратить время и силы на подобную борьбу, мне и пришлось из страны уехать больше четверти века назад. Тогда эта борьба не была для меня развлечением, и тогда у нее были другие основания. Как раз с моей позицией в науке там было все в порядке, и более того. Потому я подался в организацию науки, считая, что могу немало сделать в этом отношении. Но система напряглась, и первым звонком этого был мой доклад в Академии наук под названием «Какие новые направления современной биохимии представляются наиболее важными и интересными». Такие доклады в Академии не прощают, такие доклады – это уровень вице-президента Академии наук, а не заведующего лабораторией, тем более молодого. Никаких замечаний или критики по докладу не было, да и какие могли быть? Но вердикт был вынесен – слишком молодой и независимый. А я ведь к тому времени лауреатом Госпремии по науке СССР был. Ну, и последствия пошли. Коллектив Института биохимии АН СССР выбрал меня директором – Академия не утвердила. Хотя голосов в Академии я набрал довольно много. Стало ясно, что на отстаивание своей позиции будет уходить непростоительно много сил и времени, а мне хотелось заниматься наукой. А тут Гарвардский университет предлагает должность профессора биохимии, и предлагает настойчиво, несколько лет подряд. В итоге я выбрал науку, а не борьбу.

Но вот такой профанации, какую сейчас демонстрируют поппенетики, в те времена не было. А ведь это – моя прямая специальность, как же я могу остаться равнодушным?.. Я продолжаю заниматься наукой, по своей специальности – кинетика химических и биологических реакций, включая динамику мутаций в ДНК, и получаю от этого творческое удовольствие. Но поскольку с древности считалось, что наука должна быть непременно связана с ее популяризацией, преподаванием, распространением знаний – то потому я здесь. Есть еще важная причина



– надо непременно давать отпор русофобии, идеологии продажности, попыткам разрушения исторических корней России, и ДНК-генеалогия здесь очень важна.

*Alexander Astafiev* говорит:

[15.05.2016 в 01:03](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, согласен со всем сказанным Вами выше. В реальной жизни восприятие событий индивидуально, и каждый из нас воспринимает события через фильтр собственного опыта. Далее попытаюсь изложить свое видение происходящего, не претендуя на безоговорочную правоту, однако, предполагаю, что и Вы можете упустить важные моменты в событиях, происходящих вокруг ДНК-генеалогии.

Количество непонимающих среди ваших оппонентов гораздо меньше, чем все понимающих, но нежелающих или немогущих признать очевидное. Ваши исследования представляют угрозу для них. Результаты ваших исследований уже используются политиками самых разных толков, а далее это явление будет усиливаться. Если в научных кругах проблемы с совестью и порядочностью, то политики в большинстве своем абсолютно бессовестные. Нынешний всплеск русофобии на западе – отдельная тема. Полагаю, что Ваша надежда на то, что удастся и далее заниматься чистой наукой, не оправдается. В настоящее время вас атакует “рой африканизированных пчел”, и они концентрируются на исследованиях, далее могут подтянуться другие и перейти на личность.

С моей точки зрения необходимо быть more proactive. Вынужден использовать английские термины, т.к. они позволяют избежать многословия и понятны Вам. Цель – увеличить awareness среди обывателей. Почему? Приходит на ум история с лазерами. В сознании обывателя они проникли через лазерные проигрыватели и лазерные шоу. Вопрос их научной ценности остался вне поля зрения обывателя. Но теперь манипулировать сознанием вокруг лазеров намного сложнее. Предмет ваших исследований сложно излагать неподготовленному читателю, а детали временных расчетов (предмет химической кинетики) затруднительны и для меня.

Каково мое предложение. Желательно выпустить несколько исследований, где будут bland ваши данные с достаточно общеизвестными научными фактами и отвечать на вопросы не только где и когда, но и выдвинута обоснованная гипотеза, почему случились миграции. Для объяснений целесообразно привлечь данные медицины и климатологии. Рыжеволосые люди не могут без значительного ущерба проживать постоянно в условиях чрезмерной инсоляции и чрезвычайно

сухого климата. [Вот интересная ссылка](#). Это наиболее вероятное объяснение почему... повернули из Северной Африки на Пиренеи. Вы предвидите возражения историков? Они будут возражать всегда и по любому поводу. Объяснение простое, как у Крылова: "ты виноват лишь в том, что хочется мне кушать". Этот проект изначально по языку, структуре, фактам должен иметь направленность на широкую публику, а не на академическую среду. Задача максимальная – увеличить awareness у обычной публики. Для значительной части "научной общественности" Вы уже давно infidel, и Вам необходимо признать факт, что вы перестали быть только ученым.

В заключение хочу выразить Вам благодарность за время, которое вы уделили мне. Вы делаете великое дело для самосознания Русского народа. Всегда буду рад помочь в меру моих возможностей.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[15.05.2016 в 17:47](#)

>> *Полагаю, что Ваша надежда на то, что удастся и далее заниматься чистой наукой, не оправдается.*

>> *Вам необходимо признать факт, что вы перестали быть только ученым.*

Похоже, что Вы имеете своеобразное представление о том, что такое «чистая наука», и что такое «быть только ученым». Это примерно как полагать, что военный – это только тот, кто сидит в окопе или ходит строем под песни. На самом деле, сидение в окопе и марширование строем – необходимые этапы в жизни профессионального военного, но только на ранних этапах его службы. Но потом, по мере роста профессионализма, его возможности расширяются в соответствии с его способностями и приобретенным опытом. Продолжая Вашу логику, в соответствии с цитатами выше, можно сказать, что его надежда на то, что ему удастся и далее заниматься чистым военным делом (то есть сидеть в окопе, а в свободное время маршировать), не оправдается. А старшим офицерам и генералам объявить, что им необходимо признать факт, что они перестали быть военными (то есть сидеть в окопах или маршировать). Абсурд, не так ли? Но ведь то же самое и в науке – это только младший сотрудник может заниматься «чистой наукой», если он понимает под этим свободу от всех остальных обязанностей, неизбежных для старших сотрудников, профессоров, заведующих лабораториями, директоров научных институтов. По Вашей логике, они перестали быть учеными. А также те, кто наряду с научной работой занимаются преподавательской деятельностью – они тоже, получается, перестали быть учеными...

Занятно, что именно так и думают некоторые младшие научные сотрудники. Осознание того, что занятие наукой – значительно более широкое понятие, чем генерировать первичные научные данные, приходит обычно позже, с опытом и квалификацией. Заниматься наукой – это продвигать знания, и в идеальном виде это комплексная система, которая включает и генерирование первичных научных данных, и их обобщение, и выдвигание новых гипотез наряду с их обоснованием, и превращение их в теории, и передача системы новых научных знаний молодым ученым, а значит – преподавание, и наряду с этим отстаивание научных принципов, своей гражданской позиции, если новые научные знания этому могут содействовать. Можно привести ряд имен великих ученых, которые делали все перечисленное, и что, тем самым они «перестали быть только учеными»? Да и что такое «только ученый»? Кто может быть ученым...

Резюме – ученый, занимающийся воспитанием научной школы, доводящий результаты своих исследований до широкой аудитории, имеющий активную гражданскую позицию, он втройне ученый. Понятие «только ученый» или непродуманное, или искусственное.

*Alexander Astafiev* говорит:

[16.05.2016 в 04:27](#)

Анатолий Алексеевич, мои представления о науке и что такое быть ученым практически не отличаются от сказанного Вами. В нашей переписке присутствует недопонимание почему я обратился к Вам по поводу рыжеволосости и почему я сделал следующие заявления: “признать факт, что вы перестали быть только ученым”; “Полагаю, что Ваша надежда на то, что удастся и далее заниматься чистой наукой, не оправдается”.

Вы сделали великое дело, практически создали подраздел молекулярной генетики. Ваши данные выходят далеко за рамки генетики и начинают оказывать влияние не только на смежные медико-биологические науки, но и на историю, социологию и косвенно на политику. Данные начинают использовать для обоснования политических теорий и т.д. Во многих случаях они используются извращенно и часто вас не ставят в известность об этом. Уверен, что Вы лучше меня знаете об интерпретаторах и “соавторах”. По факту Вы становитесь публичной фигурой и общественным деятелем. Я предполагаю, что это не радует Вас. Вопрос – что делать? Молчать или публично и широко излагать свою точку зрения? Хочу напомнить о том, что произошло в Германии с расологией и антропологией в 30х-40х годах XX века: Hans F.K. Günther, Ludwig F. Clauss... Из современного – травля James Watson.

О рыжеволосости. Я просто привел факт, который совпадает с вашими данными и может быть использован. Первичный отбор очень дешев (визуальный). Эта идея не является для меня сверхценной, всего лишь данные, которые могут подтвердить ваши.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[16.05.2016 в 20:42](#)

>> В нашей переписке присутствует недопонимание почему я обратился к Вам по поводу рыжеволосости...

Уважаемый Александр, никакого недопонимания не вижу, более того, я предложил Вам конкретный план научной работы в данном направлении. Правда, к ДНК-генеалогии это, скорее всего, не будет иметь отношения, но если работа будет проведена, тогда и выяснится, есть ли отношение. Если при этом будут выявлены новые важные закономерности, и решены пока нерешенные загадки в отношении древних миграций, то, как я уже написал выше, «Тогда я Ваш сторонник в продвижении новой методологии». Какое же это «недопонимание»?

>> Во многих случаях они (данные и выводы ДНК-генеалогии) используются извращенно и часто вас не ставят в известность об этом. Уверен, что Вы лучше меня знаете об интерпретаторах и «соавторах».

Это – совершенно обычное дело, и ничего удивительного здесь нет. Так было всегда, с любым научным направлением и с любым известным высказыванием. Теперь, с появлением Интернета, это многократно усилилось, подключились фотошопы, компьютерная графика, моментальное распространение по миру. Да и ранее – разве не подобное было с генетикой, кибернетикой, теорией резонанса, продолжается с теорией эволюции Дарвина, а уж в мире политики и говорить нечего – подача событий часто происходит в извращенном виде, и – удивительно! – прямых участников часто об этом не ставят в известность... Удивительно и поразительно, не так ли? :)

Открою страшную тайну – у меня к этому давно иммунитет. Более того, я использую такие старания как материал для написания статей и книг, показываю «от противного», почему противники так стараются, какие к тому причины, и использую это как ценный материал для разъяснения принципов и результатов ДНК-генеалогии и других сопряженных дисциплин. Об этом – моя недавняя книга «Кому мешает ДНК-генеалогия». Не было бы ангажированных норманистов, попгенетиков, русофобов и прочих мне подарков – не было бы той книги. Так что я их в определенной степени приветствую, они помогают мне делать подачу материала более доходчивой.

*>> По факту Вы становитесь публичной фигурой и общественным деятелем. Я предполагаю, что это не радует Вас.*

Ну почему же? Только слово «радовать» здесь не очень к месту. Вы, наверное, хотели написать «Я предполагаю, что это Вас огорчает». Так вот, нисколько не огорчает. И чтобы это понять, надо пройти долгий путь в науке (в таком контексте), чтобы понять, почему целый ряд ученых, причем ученых великих, стали публичными фигурами и общественными деятелями. Почему нобелевский лауреат, химик Лайнус Полинг стал второй раз нобелевским лауреатом, получив Нобелевскую премию мира. Почему А. Эйнштейн стал крупным общественным деятелем, и, в ряду своих общественных деяний, перед смертью основал Всемирную Академию наук и искусств, в которую поначалу входили почти исключительно нобелевские лауреаты и выдающиеся общественные деятели, в основном тоже представители наук и искусств. Причем состав членов Академии уставом ограничили до 500 человек, что для академий такого ранга очень мало. Так получилось, что в эту Академию избрали меня, в далеком 1989 году, а по каким пунктам избрали – описано в книге «Интернет – заметки научного сотрудника» (изд. Московского университета, 2010). Кстати, там серьезные выборы, с представлениями членами Академии, кандидатуры обсуждаются всеми членами Академии, и выборы производятся всеми членами Академии.

Иной спросит, а что там члены Академии делают? Ответ – то же самое, что делали мыслители за последние тысячелетия. Пример тому – перечень вопросов, которые рассылаются для обсуждения членам Академии, например (навскидку) – History of Mind and Civilization; The Integration of Knowledge; Mind, Thinking and Creativity; The Structure of the Experience of Scientific Discovery, и другие (это – за май 2016 года). Примерные переводы – История мышления и цивилизации; Интеграция знания; Мысль, мышление и творческие способности; Структура опыта научных открытий. Желающие могут подумать – те, кто это обсуждают, перестали быть учеными, или, напротив, перешли на более высокий уровень? И перестал ли быть ученым П.П. Капица, когда защищал своих коллег от арестов и ссылок, а то и от смертной казни? Его это определенно не «радовало», а вот «огорчало» ли? Система – наверняка огорчала, а вот то, что он это может делать – вряд ли огорчало. Жизнь, как известно, сложнее схемы.

*>> О рыжеволосости.... Первичный отбор очень дешев (визуальный). Эта идея не является для меня сверхценной, всего лишь данные, которые могут подтвердить ваши.*

Ну так в чем проблема? Карты в руки. Вы – автор идеи, Вам и работать над ней.

>> *Вопрос – что делать? Молчать или публично и широко излагать свою точку зрения?*

Нет ответов на такие общие вопросы. С одной своей точкой зрения неплохо и промолчать, особенно когда она ранит других, или ведет к большой крови. С другой – хорошо бы, или даже необходимо широко излагать, особенно когда это увеличивает позитив в мире, ведет к примирению. Опять – нужен конкретный анализ в конкретной ситуации. Вы упомянули «травлю James Watson», и у этого есть своя история. К сожалению, лауреат Нобелевской премии Уотсон, видимо, решил, что ему все можно, и высказал соображения, которые были восприняты как «о связи расы с интеллектуальными способностями». Поднялся скандал, и Уотсон был снят с должности «канцлера» Лаборатории Колд-Спринг Харбор и через неделю ушел в отставку из Лаборатории. Тема исключительно взрывоопасная, и с ней нужно быть крайне деликатным.

Уважаемый Александр, наше обсуждение стало приобретать характер диалога, а это то, чего я стараюсь здесь избегать. Это не значит, что я Вас ограничиваю, но вопрос о рыжеволосости считаю здесь закрытым по причине перехода его на уровень практического исполнения. Давайте обсуждать его результаты, а не значимость. Что касается вопросов политической направленности, я бы предпочел не дискуссии по ним, поскольку эти дискуссии бесконечны и ведут к напряжениям, а ответы на конкретные вопросы, если таковые будут.

*Гостомысл* говорит:

[13.05.2016 в 10:38](#)

**Тема: родство**

Для того чтобы понять, есть ли родство между тремя людьми, скажем, что их общий предок жил не позже чем 1000 лет назад, достаточно просто сравнить их 67-маркерные гаплотипы, которые принадлежат к одному предполагаемому субкладу, например, R1a-z92-YP569? Или нужно еще и пройти тест Big Y, чтобы понять, действительно ли эти гаплотипы принадлежат к одной ветви и обладатели этих гаплотипов по снипам действительно являются родственниками? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.05.2016 в 18:13](#)

Вообще говоря, субклад YP569 образовался примерно 3300 лет назад, так что три человека, гаплотипы которых сравниваются, и которые все трое показали, что их субклад YP569, могут относиться к трем разным

субкладам, например, один к YP569, другой к YP1268, и третий к YP682. Последние два – нижестоящие к YP569, и образовались 1400 и 1700 лет назад, соответственно. Так что если их 67-маркерные гаплотипы даже полностью совпадут, есть такая случайность, то их общий предок все равно жил примерно 3300 лет назад.

Есть и другой сценарий. Некто, у которого субклад YP569\*, то есть нижестоящих субкладов у него нет, и который жил 300 лет назад, оказался общим предком трех человек, живущих в наше время. Такое тоже вполне может быть. Но тогда у всех троих будут субклады YP569\*, а 67-маркерные гаплотипы будут одинаковые или несколько различающиеся. Как видно, сравнение гаплотипов часто ничего не дает, если не знать, к каким субкладам относятся эти гаплотипы.

Вывод – если у всех троих показан YP569, но нижестоящие субклады не смотрели, то вид гаплотипов не обязательно будет информативным. Но в некоторых случаях будет вполне информативным. Например, если все три гаплотипа имеют 41 мутацию от базового гаплотипа (то есть от того, от кого наименьшее количество мутаций), то получаем  $41/3/0.12 = 114 \rightarrow 129$  условных поколений, то есть примерно 3225 лет до общего предка. Если точнее, то  $3225 \pm 600$  лет. Тогда можно предположить, что все трое происходят от общего предка, который жил  $3225 \pm 600$  лет назад, а то, что у него был YP569, это уже известно при тестировании. Но окончательную точку поставит только тот факт, что дополнительное тестирование все троих на нижеследующие субклады (в данном случае YP1268 и YP682) дали отрицательные результаты.

Другой пример – все гаплотипы различаются всего на 10 мутаций, и известно, что у всех троих показан YP569. Получается  $10/3/0.12 = 28 \rightarrow 29$  условных поколений, то есть 725 лет до общего предка. Этому может быть, по меньшей мере, два объяснения. Одно – что общий предок действительно жил примерно 725 лет назад, и субклады у всех троих недотипированы. Другое – что у всех субклады разные, хотя и общий субклад YP569, и полученная датировка – фантомная. Настоящий, не фантомный общий предок мог жить в любое время от 3300 лет назад до времени примерно 725 лет назад.

Скептик скажет – уууу, а зачем тогда все это нужно, раз ответа все равно не получить? Мой ответ такой – если эксперимент задуман или ставится неверно, правильного ответа ни в какой другой области не получить. Если один измеряет температуру в градусах Цельсия, другой в Фаренгейтах, третий в Реомюрах, и об этом не знают, то усреднение всех трех показателей даст фантомную температуру.

Описанный пример показывает, что использование ДНК-генеалогии для целей прояснения и уточнения документальной генеалогии совсем не так просто, как некоторые думают. Это требует во многих случаях

проведения самостоятельного исследования. Более того, это часто показывает, что документальная генеалогия просто неверна, и те, которых без тени сомнений к ней относили, часто оказываются совсем с другой гаплогруппой. Се, так сказать, ля ви.

Но есть множество и простых, позитивных примеров. Как-то мне прислали из Израиля пять 111-маркерных гаплотипов (гаплогруппы R1a) известной семьи раввинов Horowitz, общий предок которых согласно документальной генеалогии жил в Праге с 1507 до 1572 гг., то есть 444-509 лет назад, и попросили сообщить, что показывает ДНК-генеалогия. Ответ был простой – все пять гаплотипов в 111-маркерном формате имели 17 мутаций, что дает  $17/5/0.198 = 17$  условных поколений, то есть  $425 \pm 110$  лет до общего предка. Калькулятор Килина-Клёсова дал 436 лет, 466 и 454 года до общего предка для 111-, 67- и 37-маркерных гаплотипов, с соответствующими погрешностями. Причина, по которой счет вручную дал 425 лет, а калькулятор 436 лет, проста – калькулятор не округляет число поколений, и вводит поправку на возвратные мутации во всех случаях, автоматически.

*>> Или нужно еще и пройти тест Big Y, чтобы понять, действительно ли эти гаплотипы принадлежат к одной ветви и обладатели этих гаплотипов по снипам действительно являются родственниками?*

Да, это и есть часть той исследовательской работы, которая необходима для серьезного анализа связи ДНК-генеалогии с документальной генеалогией.

Гостомысл говорит:

[20.05.2016 в 21:47](#)

Спасибо.

Василий Фролов говорит:

[13.05.2016 в 15:25](#)

**Тема: археологические находки**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Хотелось бы узнать о правильном обращении с артефактами из археологических находок для предоставления материала на тестирование по ДНК гаплотипу. Возможно, вы уже где-то и разместили такой материал, но мне это неизвестно.



[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.05.2016 в 18:14](#)

Самое главное, чтобы образец был паспортизирован, понятно, что специалистами-археологами, или профессиональными музейными работниками. Остальное делают уже специалисты по изучению ископаемых ДНК.

*Anton Perdih* говорит:

[14.05.2016 в 09:58](#)

**Тема: гаплогруппы ВТ и СТ**

Combination of data by YFull, Yurkovets (2015), and Fu et al. (2016) indicates that:

- The haplogroups ВТ and СТ survived the cosmogenic mega-tsunami of about 68 000 years ago in the area of Alps, Carpathi Mountains and the Balkans.

- They lived there to about 30 000 years ago at least.

- From them there derived haplogroups С and F as well as the haplogroups in the line from F to I and haplogroup I gradually became prevalent there.

- It is not yet clear whether the other haplogroups developed there and expanded towards south and/or east, or they developed during those expansions.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[15.05.2016 в 18:35](#)

Уважаемый профессор Perdih, как я понимаю, Ваше предположение возникло под влиянием того, что в недавней статье под названием «Генетическая история Европы ледникового периода» (Nature, 2016) было опубликовано, что в Чехии в раскопках граветтской культуры были найдены два образца ДНК гаплогрупп ВТ и СТ с археологическими датировками 30870±200 лет назад. Исходя из этого Вы предположили следующее (перевожу):

>> *гаплогруппы ВТ и СТ пережили космогенное мега-цунами примерно 68 тысяч лет назад в Альпах, Карпатах и на Балканах,*

>> они прожили там с тех пор до 30 тысяч лет назад (то есть до смерти тех двух людей, костные останки которых нашли),

>> от тех гаплогрупп образовались гаплогруппы С и F, а также последующие гаплогруппы от F до I, и гаплогруппа I постепенно стала доминирующей на Балканах,

>> пока неясно, все ли другие гаплогруппы произошли оттуда же и разошлись на юг и восток, или они уже образовались позже в других регионах.

В общем, такой сценарий тоже возможен, как, впрочем, и любое количество других сценариев. Всё же ведь строится только на том, что в Чехии нашли гаплогруппы ВТ и СТ с датировками 31 тыс. лет назад. К тому времени уже образовались все гаплогруппы от В до Т. Образовались ли все они на территории современной Чехии, или ВТ и СТ пришли туда позже – мы не знаем.

Anton Perdih говорит:

[15.05.2016 в 21:23](#)

Spoštovani profesor Kljosov, your translation is only partly right. Regretfully I don't know sufficient Russian to write it properly in your language.

– гаплогруппы ВТ и СТ пережили космогенное мега-цунами примерно 68 тысяч лет назад в Альпах, Карпатах и на Балканах, – ОК

– они прожили там с тех пор до 30 тысяч лет назад (то есть до смерти тех двух людей, костные останки которых нашли) – Not exactly. There is no data that they were the last males having these haplogroups there. We should let this open.

– от тех гаплогрупп образовались гаплогруппы С и F, а также последующие гаплогруппы от F до I, и гаплогруппа I постепенно стала доминирующей на Балканах, – not only in the Balkans but also elsewhere in that area and later in a substantial part of Europe. Also Fu et al. (2016) presented data for this.

– пока неясно, все ли другие гаплогруппы произошли оттуда же и разошлись на юг и восток, или они уже образовались позже в других регионах – quite right, but на юг и/или восток, that is to Africa (B), to Central Asia (K, etc.?), to South Asia (D, LT ?), etc. For the time being, it is not to be neglected but let open for future data.

However, preparing this explanation, I took into account also the observation by Valery Yurkovets that the said area was not affected by the said cosmogenic mega-tsunami and that exactly there it was possible for the people to survive. We should not a priori neglect this possibility. And we

should continue to look where else the survival of humans would be possible, e.g. in African Highlands and possibly elsewhere.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[16.05.2016 в 04:54](#)

Уважаемый профессор Perdih, согласен, что можно вносить уточнения и дополнения в предлагаемую гипотезу. Например, я перевел Вашу формулировку «*They lived there to about 30 000 years ago at least*» как «они прожили там с тех пор до 30 тысяч лет назад (то есть до смерти тех двух людей, костные останки которых нашли)», то есть несколько развернул и уточнил ее, поскольку в предыдущем пункте речь шла о гаплогруппах ВТ и СТ, костные останки носителей которых нашли в Чехии с датировкой 30870±200 тысяч лет назад (Fu et al., 2016). Вы поправляете, что таких данных, что они были последними носителями этих двух гаплогрупп в том регионе (having these haplogroups there), у нас нет, и что этот вопрос нужно оставить открытым. Естественно, но мы ведь говорим об обнаруженных костных останках. Понятно, что носители гаплогрупп ВТ и СТ могут быть обнаружены в любом месте мира, хотя, правда, пока не обнаружены, если говорить о терминальных гаплогруппах ВТ\* и СТ\*, но это не имеет отношения к предлагаемой гипотезе.

Аналогично, я перевел Вашу формулировку «*haplogroup I gradually became prevalent there*» с учетом того, что написано чуть выше «*in the area of Alps, Carpathi Mountains and the Balkans*» как «и гаплогруппа I постепенно стала доминирующей на Балканах», потому что ни в Альпах, ни на Карпатах гаплогруппа I не является доминирующей, она доминирует из перечисленных регионов только на Балканах (в некоторых странах) в виде I2a. Она выражена также в некоторых скандинавских странах в виде гаплогруппы I1, но о них в Вашей формулировке речь не шла. Вы поправляете – «не только на Балканах, но и в других местах в том регионе и позже на значительной части Европы», но об этом в Вашей гипотезе речи не было, даже не считая того, что никаких других частей Европы, кроме Балкан и Скандинавии, чтобы гаплогруппа I была prevalent, просто нет. Поэтому переводы были аккуратными и с корректными дополнениями.

Но дело даже не в том, что можно и дальше шлифовать формулировки, заменять глухие there конкретными названиями регионов (что я и делал в переводах с уточнениями) и так далее. Главное в том, что это никак не изменит сути Вашей гипотезы – что носители гаплогрупп ВТ и СТ, которых обнаружили в Чехии с датировками 30 тысяч лет назад, являются потомками тех, которые пережили глобальную катастрофу в виде мегацунами более 60 тысяч лет назад (Юрковец, 2016), потому что цунами к Европе уже уменьшило силу, и некоторые люди в горах спаслись. Они, эти люди, и дали начало всем другим гаплогруппам. Вы

пишете – где именно эти другие гаплогруппы образовались, мы пока не знаем, но «*for the time being, it is not to be neglected but let open for future data*», то есть этим нельзя пренебрегать, и держать возможности открытыми до появления новых данных.

Это также совершенно не изменяет моего комментария – что тот факт, что в Чехии нашли древние гаплогруппы ВТ и СТ, говорит только о том, что эти двое жили там 30 тысяч лет назад. Как они или их предки туда попали, когда и откуда, до глобальной катастрофы или позже – на этот счет может быть бесконечное количество гипотез. Естественно, среди них есть и Ваша гипотеза, и она может оказаться верной. Как, впрочем, и сотни других. Граветтская культура по принятой классификации началась примерно 28 тысяч лет назад, а между глобальным мегацунами и граветтом прошли примерно 36 тысяч лет. За это время многое могло произойти. Вот если там же, в Чехии или поблизости, будет найдена гаплогруппа ВТ с археологической датировкой, например, 60 тысяч лет назад, тогда Ваша гипотеза получит сильную поддержку. Или для начала в селетской культуре в Венгрии (40-28 тысяч лет назад).

*Anton Perdih* говорит:

[16.05.2016 в 21:08](#)

Spoštovani profesor Kljosev, yes, but at the moment we have only those data which we have: ~30 000 years old bones in Dolní Věstonice, in them haplogroups ВТ and СТ, and the data that the region of Alps Carpathi and Balkans was not flooded by the cosmogenic mega tsunami ~68 000 years ago. Everything else is at the moment on the level of a wild speculation. Also the mentioning of present-day distribution of haplogroup I. In fact, haplogroup I is now widespread in Europe. True, it is not dominant everywhere, but for the question of its importance ~30 000 years ago its present frequency is irrelevant.

*Дмитрий* говорит:

[16.05.2016 в 03:50](#)

**Тема: Сунгирь (палео-ДНК); семейный проект (Вотрины)**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Два небольших вопроса.

1. Существуют ли какие-либо данные по ископаемым палео-ДНК Сунгири? Стараюсь по возможности следить за Вашими книгами и публикациями, но пока только встречал в сети упоминания об исследовании сунгирских митохондриальных ДНК.

2. Совсем недавно, буквально чуть менее двух недель назад, вдохновившись как опытом уже существующих в социальных сетях фамильных проектов, так и Вашим личным опытом изучения истории своего рода по документальным источникам, я решился создать на платформе социальной сети ВК фамильный проект Вотриных. Пока его участники только собираются, на данный момент нас в группе уже более 70 Вотриных (что, наверное, немало, при том, что фамилия довольно редкая, а всего в ВК ее указали чуть менее 350 пользователей). В связи с этим хотел бы попросить Вашего разрешения на цитирование небольших фрагментов Ваших книг для участников нашего пока еще довольно небольшого сообщества. Очень надеюсь, что смогу убедить хотя бы отдельных его участников в необходимости узнать свою гаплогруппу.

В заключение позвольте, пользуясь случаем, выразить Вам мое безграничное уважение и, не побоюсь громких слов, – преклонение перед Вашим талантом ученого и мыслителя, Вашей невероятной работоспособностью, а также пожелать дальнейших успехов и новых ярких открытий во всех Ваших начинаниях!

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[16.05.2016 в 20:32](#)

>> 1. *Существуют ли какие-либо данные по ископаемым палео-ДНК Сунгири?*

Мне Y-хромосомные данные неизвестны. Известны только мтДНК. Данные есть в Википедии.

>> 2. *...хотел бы попросить Вашего разрешения на цитирование небольших фрагментов Ваших книг для участников нашего пока еще довольно небольшого сообщества.*

Безусловно. Да и вообще, это ведь открытые издания. Дайте просто ссылки. Желаю успеха семейному Проекту Вотриных. Спасибо за теплые слова.

[Дмитрий](#) говорит:

[17.05.2016 в 00:52](#)

Спасибо, Анатолий Алексеевич!

[Геннадий](#) говорит:

[16.05.2016 в 22:03](#)

У Пинхаси имеется [4 образца из Сунгири](#). Очевидно, два из них игреки. Осталось дождаться результатов исследований.

*Сергей* говорит:

[16.05.2016 в 20:39](#)

Уважаемый Дмитрий, предлагаю Вам создать отдельную тему по проекту Вотриных в группе [“ДНК-генеалогия как историческая наука”](#), в группе используются материалы работ Анатолия Алексеевича по ДНК-генеалогии, которые Вы также можете использовать в качестве перепостов в своей группе Вотриных.

*Влад Куртумеров* говорит:

[17.05.2016 в 23:27](#)

**Тема: иллирийские молдаване**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, очень интересно было бы, если бы Академией ДНК-генеалогии был создан проект, специально посвященный иллирийским молдаванам. По поводу них, как самостоятельного балкано-романского этноса, написано множество монографий, различных по своему объему, жанру, назначению. Есть у этих книг, как правило, одно общее. Все они обращаются к этногенезу иллирийских молдаван, иллирийскому происхождению молдавского языка. Когда дело касается этногенеза практически любого народа, сразу появляются сложности. Этногенез происходил давно, и часто о нем нет необходимого количества источников. Поэтому появляются предположения, легенды, домыслы. Думаю, ДНК-генеалогия также должна внести свой вклад в решении исторических сложностей по поводу этногенеза иллирийских молдаван, потомков древнего романизованного населения, обосновавшегося в карпато-дунайском регионе.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[19.05.2016 в 17:13](#)

*>> очень интересно было бы, если бы Академией ДНК-генеалогии был создан проект, специально посвященный иллирийским молдаванам.*

Безусловно, интересно. Вот и займитесь сами этим Проектом. Посмотрите на сайте Академии примеры Проектов, сформулируйте свой, соберите по базам данных максимальное количество гаплотипов иллирийских молдаван, а поскольку их вряд ли будет много, то проведите информационную работу через доступные источники

информации, сайт «Одноклассники», например, расскажите об ожидаемой важности такого Проекта, что он даст. Возможно, найдете среди состоятельных людей этноса желающих инвестировать в данный Проект, а проще говоря, оплатить тестирование тех, у кого на это нет средств. Возможно, заинтересуются музеи и исторические общества, Академия наук республики. Нет сомнений, что полученные данные будут чрезвычайно интересны и важны.

[Влад Куртумеров](#) говорит:

[20.05.2016 в 14:26](#)

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич.

[Василий Фролов](#) говорит:

[18.05.2016 в 16:51](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Ваши встречи в этом году с увлечёнными людьми нигде не состоятся? А то как-то по инету, этот года три назад, объявили о встрече в институте (сейчас уж и не помню – не то Биохимии?). Так пол-дня прождал, а затем на проходной объявили об отмене встречи.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[19.05.2016 в 21:27](#)

Уважаемый Василий, в прошлом году в Москве были мои выступления на презентации книг, будут презентации и в этом году. В этом же году я буду читать лекцию по ДНК-генеалогии на механико-математическом факультете МГУ с участием специалистов по математическому моделированию в биологии. Следите за объявлениями на Переформате.

[Жанна Медведева](#) говорит:

[19.05.2016 в 13:35](#)

**Тема: мтДНК**

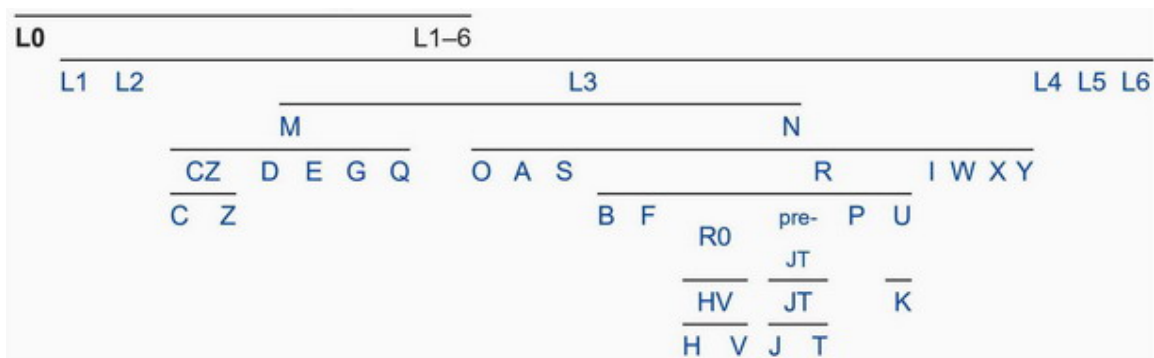
Уважаемый Анатолий Алексеевич. Я планирую прислать свои митохондриальные ДНК на исследование. Насколько это будет информативно? Узнаю ли я, кто я? Прямых родственников по мужской линии уже нет.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:



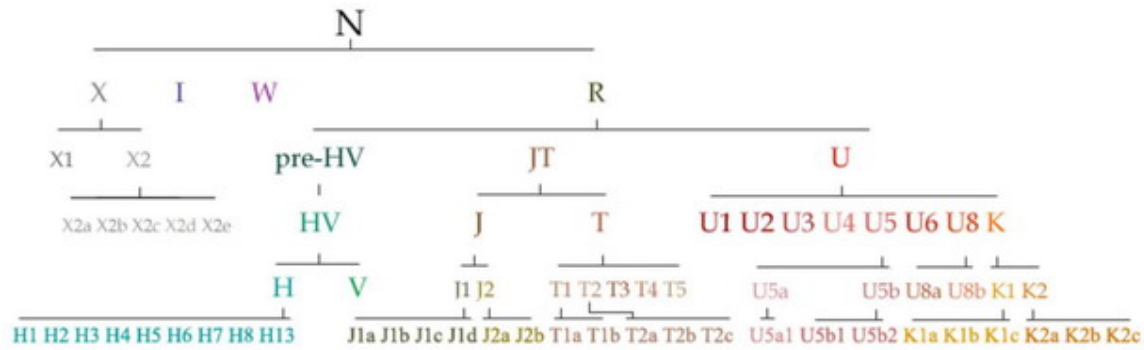
[20.05.2016 в 07:13](#)

Я могу сразу сказать – Вы красивая женщина. Вы это хотели узнать? Если не только это, то надо определиться с определением понятия «кто я?». На самом деле, изучение мтДНК может определить, к какому роду и подроду относится Ваша женская ДНК-линия, поскольку мтДНК передается от матери дочери, и ее никак не могут изменить отцы, мужья, или близкие приятели. Иначе говоря, вопрос «кто я» на самом деле звучит «к какому женскому роду я отношусь», а поскольку рода со временем расходятся на много подродов, то Вы можете узнать, к какому более узкому подроду Вы относитесь, и – если есть достаточное количество информации – в какой части мира этот подрод образовался, и как Ваша мтДНК-линия попала туда, где жила Ваша прабабушка или бабушка, поскольку после этого Вы уже знаете, как Вы или предки попали туда, где Вы сейчас живете. Две диаграммы ниже показывают то, что Вы можете ожидать от мтДНК-тестирования. Верхняя диаграмма – это общая схема, на которой показаны мтДНК 26 гаплогрупп – от А до Z.



Но вряд ли у Вас будет африканская гаплогруппа L, поэтому ниже – диаграмма европейских мтДНК гаплогрупп. Помимо того, есть древние азиатские и американские гаплогруппы A, B, C, D. В целом, основными по численности являются 19 гаплогрупп. Примеры с максимальным представительством – гаплогруппа L в Тунисе и Ливии (по 28%), Алжире (25%), Египте (22%); HV в Ираке, у курдов и даргинцев (по 9%), у аварцев (8%), в Армении, Азербайджане и Иордании (по 6%), H в Уэльсе (60%), Испании (до 59%), у басков (49%), в Швейцарии и Албании (по 48%), в Эстонии (46%), в Польше (44%), России (41%) – это максимальное содержание среди всех мтДНК в России. На втором месте в России гаплогруппа U5 (10%).





Пример [персональной интерпретации мтДНК](#) дан на Переформате, это была гаплогруппа Н, подгруппа Н1с.

*Жанна Медведева* говорит:

[20.05.2016 в 10:39](#)

Благодарю Вас за подробности! Я подумаю, возможно, я пришлю анализ своего двоюродного дяди, хотя у него греческая кровь и украинская, а у меня русская и украинская. Но всё равно они очень похожи с моим отцом. Всё ж побольше информации будет. Рада Вашему ответу! Жду лабораторию.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[20.05.2016 в 17:50](#)

Похож – это в данном случае не критерий. Это – субъективное восприятие. Лучше нарисуйте простенькую картинку – кружочек с общим предком Вашего отца и двоюродного дяди, рядом – кружочек с женой общего предка, и ниже – переходы по мужской и женской линии до Вас, и до того, кого Вы знаете. Сразу станет ясно, как передавалась по генеалогии Y-хромосома и мтДНК, и какая мтДНК к Вам пришла – от матери, бабушки по материнской линии, и так далее. Тогда станет ясно, что ожидать от ДНК-анализа двоюродного дяди, и как он будет относиться к Вам.

*Жанна Медведева* говорит:

[20.05.2016 в 18:21](#)

Хорошо, теперь понятнее )) меня интересует и гаплогруппа тоже. Благодарю ещё раз.

*Romeo* говорит:

[22.05.2016 в 14:25](#)

### **Тема: ДНК-генеалогия и группы крови**

Здравствуйте, уважаемый Анатолий Алексеевич! Такой вопрос: как Вы относитесь к движению в Японии определять всё что можно по группе крови: профессии, характер и т.д. Считаете ли Вы это наукой или ересью? Как Вы относитесь к питанию по группе крови? Эффективно ли это? Насколько тесно связаны группы крови, этносы и ДНК-генеалогия? Как развивались по миру группы крови, почему их стало всего 4, а не 2 или 10?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.05.2016 в 04:22](#)

Если честно, то мне любые подобные движения безразличны. Кто по крови «всё что можно» определяет, кто по слюне, кто по сетчатке глаза, кто по линиям руки, кто по экскрементам... Когда есть сложная система, связанная с организмом, а там все системы сложные, всегда найдутся любители создать свою теорию определения и предсказания. Характеристики крови тому не исключение, но отличие в том, что там наука, особенно с начала 20-го века, взялась за состав и характеристики крови по-настоящему основательно, особенно с развитием иммунологии. В 1900-м году Карл Ландштайнер из Вены открыл первые три группы крови у людей, вскоре другим исследователем была открыта и четвертая группа крови, а в 1930-м году Ландштайнер получил Нобелевскую премию с краткой формулировкой «for his discovery of human blood groups», то есть «за его открытие групп крови человека». Через десять лет он в соавторстве открыл и систему антигенов, получившую название резус-фактор.

Наука установила в отношении групп крови важнейшие особенности, спасшие миллионы жизней. Важно, что там наука опиралась на четкие эксперименты и правила их проведения, что и отличает ученых от «вольных художников» и фантазеров. Науку часто обвиняют в неспособности или в робости при решении вопросов, которые критикам представляются важными, например, есть ли Бог, или когда жил общий предок всего человечества, но наука решает только те вопросы, которые можно четко сформулировать и построить систему экспериментальной проверки, которая воспроизводима и перекрестно проверяема. Удел же любителей и прочих дилетантов – провозглашать ответы на сложные вопросы (которые им часто кажутся простыми и очевидными) просто так, взяв их с потолка, «по понятиям», не заботясь о корректном обосновании. И чем сложнее вопросы, чем больше там привходящих

факторов, чем больше неизвестного, тем более «на коне» любители-дилетанты, тем более они «обходят науку».

Примерно так же обстоит дело о связи групп крови с определением и предсказанием «всего». Для того, чтобы сделать научно состоятельный вывод о связи групп крови с выбором профессии или с характером человека, нужно как минимум правильно поставить задачу и сформулировать исходные определения и положения. Как понимаете, в отношении выбора профессии и характера уже это представляет крайне сложную и неоднозначную задачу. Поэтому если Вы этим действительно интересуетесь, найдите первоисточники и внимательно посмотрите, как эта работа делалась, как формулировался «выбор профессии», кого и как выбирали, то же и в отношении характера – на уровне «сангвиник – холерик – флегматик – меланхолик», или как-то по-другому. Только после этого можно сказать, это был научный подход, или фантазийный.

Это же относится и к Вашим двум последним вопросам. Однозначного ответа на них дать невозможно, максимум – вероятно, а скорее – «когда как». Например, в отношении этносов. Дело в том, что, например, первая группа крови, она же 0 (в системе АВ0) во всем мире и у всех этносов имеется у 30-40% населения. Вторая группа, она же А – столько же, у 30-40% населения. Третья группа, она же В – у 10-20%, а четвертая, она же АВ – у 3-7%. Особых перепадов по этносам там не замечается. Скажем, у китайцев первой группы крови в среднем 40%, а у англичан – 37%. В Израиле 32%, в Эстонии 30%. И так далее, по всем категориям. В отношении ДНК-генеалогии группы крови не раз пытались применять, правда, к счастью это не называли ДНК-генеалогией, но ничем путным это не завершилось. Обычно это проводится путем мелкого жульничества – подбирают отдельные «точки», под которые подгоняют ответ. А надо, если уж взялись, работать по всему полю. Иначе появляются теории типа той, что финны – это евреи. Причем это активно изучалось, получали под это гранты, проводили обмены «специалистами». Мне про это как-то сообщили из Финляндии, с приложением документов, я написал главному проповеднику этой теории, но он благоразумно воздержался от ответа. Осталась статья в Вестнике Академии ДНК-генеалогии.

Относительно того, как сформировались группы крови – тоже никто четкого ответа не даст, это будут либо соображения, некие интерпретации, которые экспериментально пока не проверяемы, либо опять «по понятиям». То, что есть четыре группы крови – это вполне объяснимо, если исходить из наличия всего четырех допустимых комбинаций агглютининов  $\alpha$  и  $\beta$  в плазме крови человека, и агглютиногенов А и В в эритроцитах –

Первая группа (0) –  $\alpha$  и  $\beta$   
Вторая группа (А) – А и  $\beta$

Третья группа (B) – B и α  
Четвертая группа (AB) – A и B

Остальные комбинации иммунохимически запрещены.

В отношении того, как формировались группы крови, я могу только привести распространенные соображения. Они сводятся к тому, что первая группа – самая древняя, «охотников», которые питались в основном мясом, и под это формировалась их иммунная и пищеварительная системы. Вторая группа – более поздняя, «земледельцев», в значительной степени перешедших на растительные белки. Третья – «скотоводов», кочевников. Четвертая – самая недавняя, смешанная, «городская», сформировалась у людей, наиболее устойчивых к скученной жизни, потому к инфекциям. Более того, даже провели параллели, что первая группа крови наблюдается в основном у экстремалов, в том числе в спорте, вторая характерна для интеллектуалов, стабильных в социально-психологическом отношении, третья – у людей терпеливых, невозмутимых, целеустремленных, четвертая наблюдается всего у 3-7%, в том числе и европейцев, и для них, видимо, за малочисленностью пока не нашли особенностей. Казалось бы, логично – охотники, земледельцы, скотоводы... Но все это разбивается о то, что у шимпанзе, например, есть те же четыре группы крови, и это нашел еще тот самый Карл Ландштайнер еще в 1925 году. Они же наблюдаются и у орангутана и гиббона. Известны случаи переливания крови от шимпанзе человеку, только лучше при этом удалять из крови шимпанзе антитела.

Мораль все та же – теорий много, но стоит каждый раз проверять, на основании каких прямых экспериментов они были показаны. Как правило, когда теории являются плодом творчества любителей, то оснований там нет, есть фантазии.

*Михаил Бугаев* говорит:

[23.05.2016 в 07:27](#)

### **Тема: персональная интерпретация**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Буквально вчера получил интерпретацию, выполненную Академией ДНК-генеалогии, спасибо. Но в ней прямо сказано: “Предок родительской гаплогруппы E жил около 50 тысяч лет назад либо на севере Африки, либо в Восточном Средиземноморье...”, а чуть ниже на рисунке указано, что ископаемые гаплотипы времен раннего неолита обнаружены в Испании и Венгрии. То есть в Африке E пока не обнаружен! Не могли бы Вы пояснить, почему древние E притянуты к Африке? Вы сами неоднократно говорили, что из Африки не только выходили, но и в неё приходили

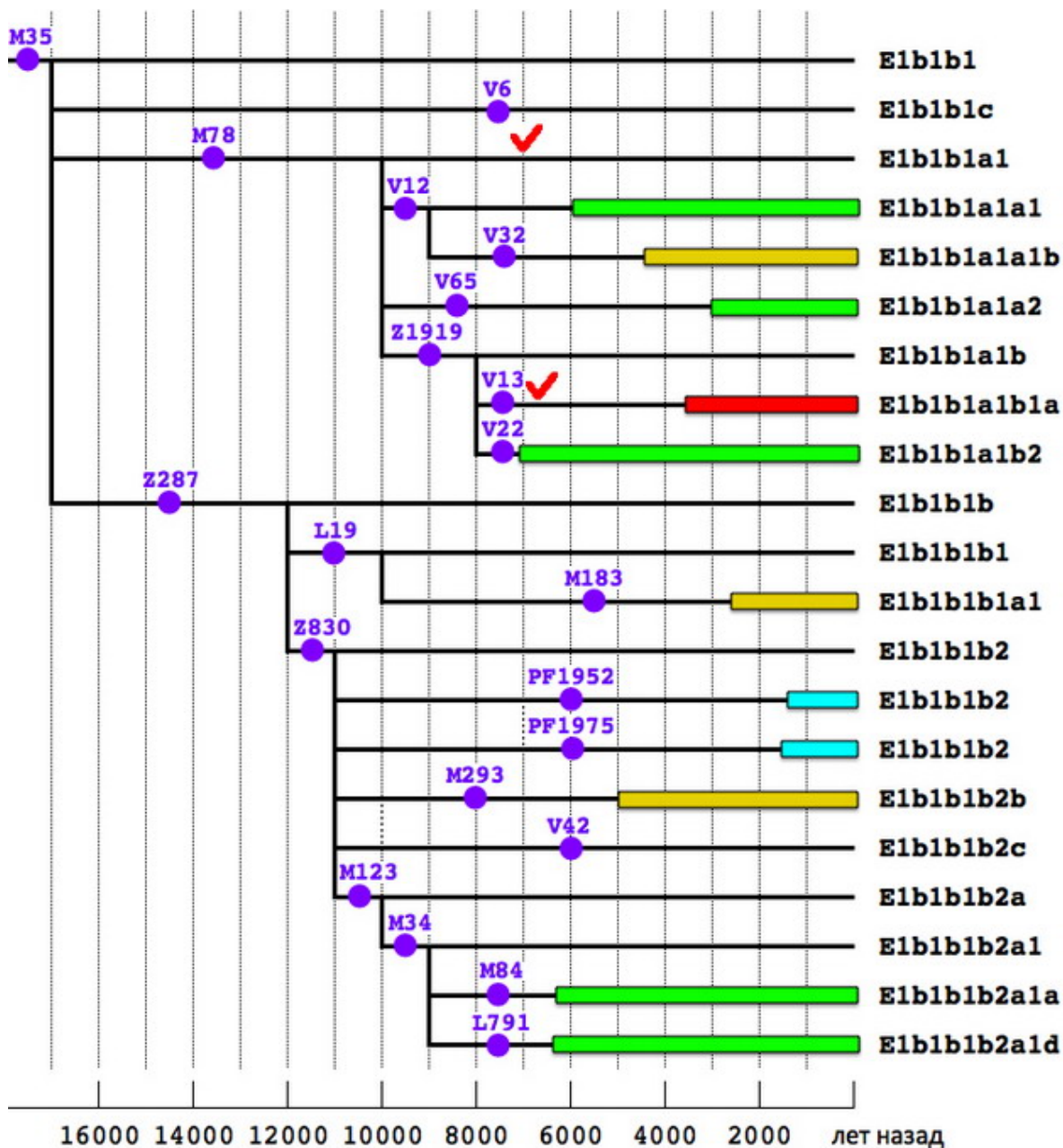
сапиенсы? И каким образом можно определить истоки и направление движения раннего E?

И. Рожанский говорит:

[23.05.2016 в 18:52](#)

Вопрос, очевидно, адресован мне как автору интерпретации. Фраза об африканских корнях гаплогруппы E никак не противоречит имеющейся информации о том, что анатомически современные люди не вышли из Африки, а пришли в нее. Кратко об этом уже говорилось [в обзоре гаплогрупп Евразии](#), а именно — Гаплогруппа E, наряду с J, O и R, входит в четверку «супер-гаплогрупп», число носителей которых исчисляется сотнями миллионов, а география захватывает целые континенты. Для гаплогруппы E этот континент — Африка, хотя из рассмотрения гаплогрупп DE и D следует, что ее корни находятся вне Африки. На Черном Континенте представлены все основные субклады этой древней (около 54000 лет до предка) гаплогруппы, из которых только один, E1b1b1-M35, вышел за его пределы в значимых количествах.

В древней ДНК из Африки, действительно, пока не найдено образцов гаплогруппы E, но то же самое можно сказать и про все остальные гаплогруппы. Единственный опубликованный на сегодняшний день африканский образец, принадлежащий египетскому фараону Рамсесу III, не типировали на снипы, а его гаплотип настолько необычен, что по нему невозможно предсказать гаплогруппу. Однако по сумме косвенных данных можно сделать вывод, что в течение многих тысячелетий представители гаплогруппы E были «заперты» в Африке и, возможно, прилегающих к ней частях Европы и Азии, и их продвижение на север началось только во времена раннего неолита. Метки на дереве субклада E-M35 приведены как аргумент в пользу подобного отнесения, и никакого «притягивания на уши» тут нет. Повторю это упрощенное дерево еще раз.



Даже в единственном «евразийском» субкладе гаплогруппы E имеются ветви с исключительно африканской географией, что помечены желтыми прямоугольниками. К ним, очевидно, следует добавить не типированные пока на глубокие снипы ветви E-M35 у бушменов и масаев. Евразийские ветви E-M35, в свою очередь, резко идут на убыль к востоку от Месопотамии и к северу от Большого Кавказского хребта. Лишь единичные их представители найдены у народов Северного Кавказа, Афганистана и Пакистана, несмотря на многовековое арабское влияние и очевидные переселения уроженцев Ближнего Востока. В Индии и Юго-Восточной Азии нет даже этого. Субклады, что разошлись

с М35 30 тысяч лет назад и ранее, в Евразии практически отсутствуют, если не считать небольшой их доли у арабов.

Исходя из этих особенностей, направление миграций из Африки (Восточного Средиземноморья) в Европу намного более вероятно, чем наоборот. Если это чем-то Вас задевает, постарайтесь отодвинуть эмоции в сторону и взглянуть на вещи объективно. Ганнибал, Августин Блаженный, Рамзес II и Зинедин Зидан – коренные африканцы.

*Сергей* говорит:

[23.05.2016 в 22:22](#)

>> *Ганнибал, Августин Блаженный, Рамзес II и Зинедин Зидан – коренные африканцы.*

Вероятно, опечатка, выше упоминался Рамзес III?

*И. Рожанский* говорит:

[24.05.2016 в 19:36](#)

Не опечатка. Имелся в виду именно Рамзес II Великий, а не основатель XX династии, присвоивший имя своего знаменитого предшественника. Кстати, существует версия, что имя Моше (Моисей) имеет древнеегипетское происхождение и восходит к тому же слову “мсс” (дитя), что присутствует в царских именах Рамсес (сын Ра) и Тутмос (сын Тота), очень популярных в эпоху Нового Царства.

*Сергей* говорит:

[26.05.2016 в 23:58](#)

Игорь Львович, а какой гаплотип у Зидана, где о нем можно подробнее прочитать? Думаю, “футбольных” людей заинтересует.

*И. Рожанский* говорит:

[27.05.2016 в 11:56](#)

Тест сдавал брат звезды мирового футбола. В проектах FTDNA его кит 112038, [в YSearch зарегистрирован как NHBCS](#). У него подтвержден снип M183, а по STR он находится в самой гуще молодой ветви, которую можно считать “этнообразующей” для берберов Северной Африки. Предок ветви E-M183 жил 2600±260 лет назад, Помимо жителей Магриба, где ее доля достигает 40-50%, она на уровне нескольких процентов представлена у португальцев, испанцев и сицилийцев. В списке IRAKAZ



Русской равнины есть также несколько евреев из той же самой ветви. Очевидно, это потомки обратившихся в иудаизм жителей африканских провинций Римской Империи, влившихся затем в состав сефардов, после 1492 года бежавших от инквизиции в Восточную Европу.

*Сергей* говорит:

[28.05.2016 в 22:00](#)

Спасибо, Игорь Львович! По моему, [получилось неплохо](#)))

*И. Рожанский* говорит:

[29.05.2016 в 16:52](#)

Там все больше про футбол, а не про ДНК))) Тогда уж добавьте к списку Короля футбола Пеле, а также Майкла Джордана, Луи Армстронга и многих-многих других, потому что не менее 90% потомков черных рабов также принадлежат к гаплогруппе Е. Компанию знаменитым итальянцам составит также голливудское семейство Коппола (Е-М84, киты №№ 108208 и 117309), а евреям – ветеран российской политики В.В. Жириновский.

*Сергей* говорит:

[30.05.2016 в 15:24](#)

Когда дадите их описание как по Зидану – с удовольствием добавим! Пеле, Джордан и Армстронг не тестировались? Может, они не принадлежат к Е. А комментарии про футбол были специально разрешены в виде исключения, чтобы немного расслабиться, отвлечься от серьезных научных тем, к тому же совпало с финалом Лиги чемпионов, которую выиграл клуб, который тренирует Зидан. Вообще, даже краткое описание результатов тестирования известных людей могло бы стать хорошей традицией и дополнительным импульсом для появления интереса к тестированиям.

*Геннадий* говорит:

[27.05.2016 в 01:45](#)

>> В древней ДНК из Африки, действительно, пока не найдено образцов гаплогруппы Е.

[E1b1 была обнаружена у обитателя эфиопской пещеры Мота, жившего 4500 лет назад.](#)



*Михаил Бугаев* говорит:

[24.05.2016 в 09:29](#)

Спасибо! Меня африканские “корни” совсем не волнуют, просто как дилетанту интересно, а что было до Африки.

*И. Рожанский* говорит:

[24.05.2016 в 19:41](#)

До Африки, определенно, была Азия. Однако пути предковой гаплогруппы DE пока остаются загадкой. В отличие от сопоставимой по возрасту гаплогруппы C, в древней ДНК ее пока не находили.

*Елена Шавлак* говорит:

[24.05.2016 в 20:45](#)

**Тема: концепция Фоменко и Носовского**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Спасибо вам за Ваши труды праведные, обогащающие человечество! Я недавно совсем присоединилась к сообществу ваших читателей-почитателей, наслаждаюсь Вашим острым умом, особенно, когда Вы детально разбираете какой-нибудь выпад в сторону настоящей науки. Все оппоненты – на лопатках))) Хочу узнать Ваше мнение о концепции А. Фоменко и Г. Носовского. Если я уже не первая спрашиваю, извините, но мне это важно. Спасибо.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

[25.05.2016 в 08:48](#)

Уважаемая Елена, я никак не могу считаться специалистом по новохронологии, если Вы ее имели в виду, и трудов упомянутых авторов не разобрал. Причина проста – я начал читать одну их книгу, под названием «Казачьи арии», и после первых нескольких десятков страниц бросил. Сначала мне понравилось то, что они дают много ценного фактического материала, хорошо подобранного и познавательного, много цитат из интересных древних изданий. Потом я дошел до описания, что в битве на поле Куликовом использовались огнестрельные орудия, а именно ствольные пушки, с рисунками пушек и прочего. Я как-то засомневался в достоверности информации, ну да ладно, может, я отстал от состояния науки в этом отношении. А потом дошел до того, что древних ариев не было, это были средневековые казаки. Тут я читать

бросил, хотя в то время летел в самолете через океан, и времени было предостаточно. Но появилось прочное отторжение.

Пока летел дальше, я для себя обрисовал суть и причину публикации таких книг упомянутыми авторами. Они просто и откровенно забавляются, разыгрывают и дурачат читателей, параллельно зарабатывая, видимо, хорошие деньги на больших тиражах. Плохо ли? Это вроде цирковых фокусников, мы же не будем их ругать за обман? Люди идут на представление, платят деньги, получают удовольствие. Так и с новохронологией. Есть спрос на них в обществе, и спрос немалый, почему не подыграть спросу? Как их можно за это ругать? Это – развлечение. На науку это не производит никакого действия, к науке не имеет отношения, называть это «псевдонаукой» – смешно, мы же не называем «псевдоартистами» фокусников, напротив, им дают звания заслуженных артистов. А то, что с ними борется «Комиссия по борьбе с псевдонаукой при Президиуме РАН», так это делает ту Комиссию паяцами. Это типа борьбы нанайских мальчиков, если кто такое помнит.

*Олег* говорит:

[27.05.2016 в 11:06](#)

**Тема: Yfull и FTDNA**

Анатолий Алексеевич, насколько правильной является интерпретация первичных данных, полученных в результате полногеномного анализа Y хромосомы (тест Big Y), компанией Yfull? Чем интерпретация Yfull лучше интерпретации FTDNA, если лучше, конечно? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.05.2016 в 09:11](#)

Уважаемый Олег, я бы воздержался от сравнения разных компаний, ни к одной из которых я не имею отношения. Тем более по вопросу «насколько правильной является». Я ведь не являюсь рекламным агентом ни одной из этих компаний. Потом, что Вы называете «интерпретацией первичных данных»? Насколько мне известно, интерпретацией данных ни та, ни другая компания не занимается. Они вытаскивают снипы из данных Вашего тестирования, а уж что эти снипы означают в историческом контексте для Вашей ДНК-линии, они Вам не скажут. Это уже не их дело. И та, и другая дадут Вам длинный список из сотен или тысяч снипов, а уж что они означают – дело Ваше, с их точки зрения. За интерпретацией Вам все равно придется обращаться к нам, но Академия тестами BigY как таковыми, или в модификации YFull (сама компания YFull тестирование не проводит, она обрабатывает данные

FTDNA, если Вы пришлете им файл, который Вам придется отдельно запрашивать в FTDNA) не занимается.

Короче, ситуация такая. Вы заказываете геномный тест (например, BigY в FTDNA), получаете свой длинный список глубоких снипов, из которых 99% Вам не нужны, потому что они относятся к вышестоящим гаплогруппам. Если Вы удовлетворены, и ответ на Ваш вопрос получен, в виде наиболее недавних снипов, хорошо. Если считаете, что Вы пока неудовлетворены полученной информацией, или в ней не разобрались, посылаете в YFull, получаете от них то, что они сочтут нужным. Это может оказаться дополнительной полезной информацией. Наконец, складываете Ваши гаплогруппу и снипы вместе, и посылаете нам для интерпретации, или для обычной, или для углубленной, выбор Ваш. Мы направляем Вам описание, что это все означает, и какое место Ваши снипы и гаплотип и Ваша ДНК-линия занимают в общей исторической картине.

*Олег* говорит:

[29.05.2016 в 14:34](#)

Понятно. Спасибо большое, Анатолий Алексеевич.

*Арсен* говорит:

[29.05.2016 в 21:28](#)

**Тема: ДНК-генеалогия армян**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, подскажите, пожалуйста, какая гаплогруппа доминирует у армян? В разных источниках указывается разная информация. Где-то говорится, что у армян доминирующим родом является J2, где-то указывается R1b. Возможно, вы владеет какими-то более достоверными данными? Буду признателен за помощь.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.05.2016 в 15:18](#)

Уважаемый Арсен, эти источники в целом правильны. Содержание J2 и R1b у армян примерно одинаково. Имеют место просто статистические вариации, в зависимости от выборки. Например, по данным Eupedia у армян 30% гаплогруппы R1b и 22% J2, следующие два места занимают гаплогруппы G и J1, с 12% и 11%, соответственно. А по данным Армянского Проекта FTDNA там имеются 25% R1b и 23% J2. Гаплогруппы G и J1 по представительности одинаковы, обе имеют 12%.

Как видите, воспроизводимость неплохая, и для большинства поставленных вопросов вполне удовлетворительная.

*И. Рожанский* говорит:

[31.05.2016 в 09:01](#)

*>> Вообще, даже краткое описание результатов тестирования известных людей могло бы стать хорошей традицией и дополнительным импульсом для появления интереса к тестированиям.*

Можно начать со знаменитых армян, гаплотипы которых (или их близких родственников) есть в открытом доступе на национальном ДНК-проекте. Это основоположник литературы на современном армянском языке Хачатур Абовян (1809-1848), кит № 128959, ветвь R1b-L584, поражающий своим творческим долголетием французский шансонье Шарль Азнавур (Азнавурян), кит № 176684, ветвь R1b-L277; и кинорежиссер, директор киностудии "Мосфильм" Карен Шахназаров (Мелик-Шахназаров), кит № 155697, ветвь J1-Z1842. Весьма символично, что Х. Абовян, сыгравший в армянской культуре ту же роль, что в русской сыграл его современник А.С. Пушкин, принадлежал к самой распространенной у своего народа генеалогической линии R1b-L584, также как Пушкин представлял подобную линию (R1a-YP569) у русских.

*Andrey* говорит:

[01.06.2016 в 19:13](#)

Уважаемый Игорь Львович, так все же кто был Радша, потомком которого является А.С. Пушкин. Дискуссии продолжаются до сих пор. С.Б. Веселовский, известный российский историк, который исследовал генеалогию Пушкиных, ссылаясь на утверждения Бобрыщевых-Пушкиных, в свое время утверждал, что этот Радша был балтийским словенем. Мусины-Пушкины утверждали, что он был сербом, там были свои резоны для этого – геральдика, герб рода. Известный пушкиновед Ф.З. Кичатов утверждал, что Радша был пруссом, да и сам А.С. Пушкин писал о себе, что он потомок Радши, выходца из пруссов. Доктор исторических наук, научный сотрудник института археологии РАН, профессор В.И. Кулаков напротив находил основания считать Радшу померанским словенем, ободритом. Вы в свое время также писали, что судя по гаплотипу потомков Радши, Радша скорее являлся балтийским словенем, его гаплотип очень распространен на севере Белоруссии. Сейчас известен и гаплотип потомков Радши и глубокие снипы – R1a-z92-YP569-YP684. Так все же кто был Радша, как Вы считаете? Спасибо.

*И. Рожанский* говорит:

[02.06.2016 в 20:24](#)

А почему Радша? А.С. Пушкин в “Моей родословной” называет своего предка именем Рача. Еще один вариант написания – Ратша. Существование вариантов с окончаниями “-ча”, “-тша” и “-дша” явно указывает на регион, где в ходу было твердое “ч”, как в современном белорусском или польском (пишется как cz). Более того, есть польско-белорусская фамилия Рачко/Raczko (с ударением на первом слоге), восходящая, по всей видимости, к тому же самому имени-прозвищу. Ее носители довольно активны в коммерческом ДНК-тестировании. В базе данных FTDNA сейчас зарегистрировано 12 человек с фамилией Raczko. На проекте [Ostoja Clan](#) есть сведения о четверых из них. Все родом из Виленского края Литвы. Еще двоих можно найти на проекте [Russian Empire](#): один также из Литвы, другой – из Полоцка в Белоруссии.

География очень компактная для этой довольно старой фамилии, и почти в точности попадает в регион, откуда, по всей видимости, ветвь R1a-YP569 начала свой рост. Среди шестерых Рачко эта ветвь пока не встречалась, но их гаплотипы (I2a-CTS10228, N1c-L1025, R1a-L784) также относятся к местным линиям. На севере Германии, где до сих пор живет немало потомков ободритов, все эти ветви практически отсутствуют, а значит, версию профессора В.И. Кулакова можно исключить. Во всяком случае, при рассмотрении прямой мужской линии. Прусская версия выглядит более обоснованной, если трактовать этноним “пруссы” в широком контексте, как собирательное название балтских народов, населявших некогда значительную часть современной Белоруссии.

*Арсен* говорит:

[30.05.2016 в 16:55](#)

**Тема: эрбины в Закавказье**

Спасибо за ответ! А каким образом R1b оказалось в Закавказье? Это выходцы из Ямной культуры, или же эрбины попали туда в более раннее время?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[31.05.2016 в 00:58](#)

Нет, на Кавказ эрбины прибыли значительно ранее, чем в ямную культуру (с теми датировками ямной культуры, 5600-4300 лет назад, которые приняты археологами). Судя по данным ДНК-генеалогии, миграции эрбинов по Северному Казахстану через территории

ботайской и далее хвалынской, ямной и средневолжской культур проходили 10-7 тысяч лет назад, и действительно, в хвалынской культуре недавно найдена ископаемая гаплогруппа R1b с археологической датировкой 6615±600 лет назад, и неподалеку, в Самарской области, найдена ископаемая R1b с датировкой 7620±50 лет назад (Allentoft и др., 2015). А археологи находят более поздние артефакты и исходят из их датировок. Например, ботайская культура (по данным археологов 6700-6100 лет назад) должна быть значительно более древней, просто более ранние материальные признаки не нашли или неверно датировали. Ямная культура с датировками 5600-4300 лет назад – либо более позднее ответвление древних культур эрбинов, либо опять древнее не нашли. В этом отношении ДНК-генеалогия дает «дорожную карту», которая полезна археологам как хороший ориентир, но, к сожалению, они пока очень инерционны.

Согласно ДНК-генеалогии, эрбины проходили Кавказ (и жили там) не позднее 6500 лет назад, и, скорее всего, ранее. Ранняя майкопская культура – это они, с наложениями носителей гаплогруппы J2, пришедшими из Месопотамии. Кто из них были первыми – пока неясно, но в майкопской культуре есть не менее трех типов захоронений – один (видимо, самый поздний) R1a, другой R1b, и третий, видимо, J2. Кстати, майкопская культура обычно датируется 6000-4900 лет назад, а «домайкопская» – 6700-6500 лет назад, что уже сходится с данными ДНК-генеалогии. Но археологи продолжают спорить, и консенсуса пока нет – цитата из справочника *«Все периоды собственно майкопской культуры (датируются) 4000-2900 гг. до н.э. (по С.Н. Корневскому) или 3700-2900 гг. до н.э. (по В.А. Трифонову), что привело к противоречию с ранее разработанной типологической датировкой майкопской культуры. В настоящее время наиболее обоснованная датировка – 2-я половина 4-го – начало 3-го тысячелетия до н.э.»*.

читатель из Сумгаита говорит:

[04.06.2016 в 06:54](#)

### **Тема: снова неандертальцы, Африка и генетики**

Уважаемый господин Анатолий Алексеевич Клёсов. Спасибо за Ваши интересные публикации. Хотелось бы задать Вам как специалисту пару вопросов. 1) По поводу генома неандертальца пишут, что его гены имеются в среднем у 2 процентов граждан, но эта цифра в среднем и означает, что у одних групп этого процента больше, а у других групп его меньше. Вот хотелось бы узнать, а где можно почитать про распределение генома неандертальца в более подробном виде, конкретно в каких географических местах, среди каких народностей он распространен более и в каких он распространен менее. 2) Я читал Ваши выводы о том, что носители так называемой светлой кожи и темной

кожи, разошлись гораздо более в древние времена, чем сейчас это принято говорить. Речь идет о гипотезе миграции человечества из Африки. Где более подробно можно прочесть по этому поводу. Я лично считаю, что современная гипотеза расселения человечества из Африки ошибочна. 3) Зная, как трепетно и даже неадекватно относятся к древней истории, было бы наивно полагать, что и к сфере исследований генетиков не будет приложена некая руководящая рука или руки, дабы все шло по тому сценарию, который нравится некоторым гражданам. Генетики делают великое и очень важное дело, но на данный момент я думаю, что еще недостаточно фактического материала и даже можно предположить, что есть немало случаев фальсификации результатов исследований. Думаю ситуация кардинально изменится, когда генетические исследования станут общедоступными. Говоря простым языком, когда аппаратура для анализа генов будет дешёвой и его многие будут иметь у себя дома, вот тогда ситуация кардинально изменится, кстати есть информация, что разрабатывается некий аппарат, который будет типа приставки к смартфону или компьютеру, и при помощи его любой человек сам сможет произвести анализ. Спасибо за внимание, с чувством глубокого уважения – Ваш читатель из Сумгаита.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.06.2016 в 17:44](#)

*>> где можно почитать про распределение генома неандертальца в более подробном виде, конкретно в каких географических местах, среди каких народностей он распространен более и в каких он распространен менее.*

Я бы вообще воздержался от обсуждения этого вопроса. Это примерно как Вы бы запросили меня (или кого угодно), как распределяются инопланетяне по регионам нашей планеты, где их больше, и где меньше. Для начала надо быть уверенным, что они вообще есть, а потом начинать интересоваться деталями. Там и с неандертальцами. Если Вас это так интересует, для начала разберитесь в достоверности цифр, которые сообщают. Вы пишете, что его «гены» имеются в среднем у 2% граждан, а Вы уверены, что это «гены», а не снп-мутации, не «ДНК», не «геном»? Если Вы и этого не знаете, то Вы еще не готовы к восприятию даже принципиальной информации в этом отношении. Далее, советую Вам попытаться разобраться, как эти данные были получены, что такое «от 1% до 4%», или «в среднем 2%», и с какой погрешностью это было определено? Тем более что эти данные постоянно ревизуются.

Я пытался разобраться, и пришел к выводу, что достоверность этих данных – на уровне нуля. Это на том же уровне достоверности, как недавние геномные данные, что археологическая культура шнуровой керамики (R1a) произошла из ямной (R1b), а ведь эта задача была



намного более простой, чем с неандертальцами. Тем не менее, даже профессор археологии (из США) воскликнула, что сказать такое – это проявить полное непонимание предмета. Вот такая цена тем данным. Я уже неоднократно здесь обсуждал, как такие данные получаются, и какая им цена, и в каком объеме там производятся манипуляции. При этом проверить данные практически невозможно, читателей просто ставят в известность, что компьютер пришел к такому-то выводу. А компьютер – что дышло, ему не поставили ограничения, что нельзя производить R1a из R1b, он и производит. Ему подсовывают геном шимпанзе из зоопарка вместо генома общего предка шимпанзе и человека 5 миллионов лет назад (потому что того нет), а компьютеру все равно, он вычитает геном того, что из зоопарка, не понимая того, что он на сотни тысяч снипов отличается от того, какой нужен.

На самом деле то, что делают геномные популяционисты – они отлаживают методологию, методом проб и ошибок. Если бы они об этом честно говорили – все было бы нормально. Но они об этом не говорят, а фактически выдают пробы и ошибки за якобы финальные данные. Те самые проценты неандертальца – оттуда же.

2. Вопрос непонятен. У меня такого вывода не было. У меня были слова о том, что якобы «побеление» чернокожих африканцев после якобы выхода их из Африки, чтобы они якобы получали больше витамина D, что черная кожа не позволяет – это никто никогда экспериментально не показывал, это просто фантазийное предположение. Никто никогда не показывал, чтобы чернокожие африканцы могли побелеть сами по себе, без участия светлокожих, которых по «теории выхода из Африки» быть в те времена не должно. Но чтобы из африканцев превратиться в европеоидов, там побеления кожи вовсе не достаточно, там нужны изменения десятков антропологических признаков, на что времени после якобы «выхода из Африки» просто не было. А иначе просто смешно – 70 тыс лет назад они якобы вышли из Африки, а уже 45 тыс лет назад в Европе были скелеты европеоидного вида. Так не бывает. Ну и не надо забывать про гаплотипы, которые показывают, что между носителями гаплогрупп А и В – сотни тысяч лет разницы, так что В из А образоваться никак не мог. Я понимаю, что популяционисты в гаплотипах не разбираются, но могли бы подумать, или спросить у тех, кто разбирается.

3. Вы сравниваете несравнимые вещи. Если человек сам себе сможет провести анализ ДНК, это не значит, что он стал генетиком, и может интерпретировать генетические данные. Вы можете поставить у себя дома телескоп, но это не значит, что Вы стали астрофизиком. Генетики решают сейчас задачи такой сложности, какие никто у себя дома решать не сможет. Но одно дело техника, другое – интерпретация данных. Вот этого популяционисты делать пока не умеют, как мы видим по публикациям.



Я не думаю, что они умышленно фальсифицируют данные, они просто не умеют корректно их анализировать. А публиковать хочется, причем быстро, гранты ждут, отчитываться надо. Вот это – гибель для науки.

*Сергей* говорит:

[05.06.2016 в 19:57](#)

**Тема: ДНК шотландского короля Брюса, документальная и ДНК-генеалогия**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Новое исследование, сообщается следующее:

Найден прямой потомок шотландского короля Брюса. Владелец небольшой компании Pan Controls Арчи Шоу Стюарт оказался прямым потомком шотландского короля Роберта III, правившего на рубеже XIV и XV веков. Генетики смогли вычислить потомка королевского рода благодаря необычной однонуклеотидной мутации, затронувшей один из участков ДНК Роберта III, правнука шотландского монарха Роберта I Брюса. Мутация отсутствовала у его отца и братьев. Как сообщает The Daily Mail, ученые провели несколько тестов в рамках исследования Университета Стратклайда. Используя эту мутацию как маркер, генетики проанализировали ДНК ряда добровольцев, чьи предки долго проживали в Шотландии, и в итоге установили, что ныне живущий Арчи Шоу Стюарт является прямым потомком короля Роберта III по мужской линии.

Не очень понятно, что имеется в виду: “Генетики смогли вычислить потомка королевского рода благодаря необычной однонуклеотидной мутации” – определяли по снипам?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.06.2016 в 17:46](#)

Уважаемый «Сергей», такой публикации я не знаю. Но Дейли Мейл – не лучший источник, это аналог «Московского комсомольца». Что касается «необычной однонуклеотидной мутации» – то да, это снип. Если он редкий, то это вполне подходящий инструмент для прослеживания родословной. Подождем нормальной публикации.

*Геннадий* говорит:

[09.06.2016 в 01:20](#)

[Вот пишут](#), что речь о ZZ52: Alex Williamson has identified a new SNP carried by this individual, which has been given the name ZZ52.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.06.2016 в 14:50](#)

Ситуация прояснилась, но не думаю, что эта информация имеет большой интерес для читателей Переформата, да и далеко за его пределами. Есть большой семейный проект Стюартов, в котором состоят около тысячи человек, с самыми разными гаплогруппами, от Е до Т, и они распутывают переплетения своих родословных. Три человека из этого проекта сообщают, что они являются потомками или родственниками короля Роберта III, и предоставили свои данные BigY исследователю Алексу Уильямсону, который работает с данными BigY. В этих данных есть тысячи снипов, пока никак не названных и ни к чему пока не привязанных, они ждут своего часа. И вот Уильямсон их разбирает, и те, которые он смог привязать к другим снипам, называет двойным индексом ZZ, это его авторское обозначение. Помимо того, он называет так (ZZ) также ряд мультимаркерных мутаций, приравнивая их к снипам. Пока его такие снипы в классификации не входят, хотя в ISOGG один есть (ZZ10), нисходящий от R1b-L21, но пока полуофициальный, «бледным шрифтом»; в YFull ни одного из таких нет. И вот Уильямсон обнаружил, что у одного из тех троих BigY содержит неизвестный снип, который он назвал ZZ52. Этот один из троих сообщил, что он потомок незаконнорожденного сына короля Роберта III. Двое других, по сообщениям потомки братьев Роберта III, такого снипа не имеют. Вот, собственно, информация, которую Дейли Мейл превратила в историю о новых достижениях генетиков. Ископаемых ДНК там нет.

*Oleg* говорит:

[08.06.2016 в 11:01](#)

### **Тема: Гёбекли-Тепе**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, хотелось бы узнать ваше мнение по поводу храмового комплекса Гёбекли-Тепе (древнейший слой III). Можно ли предположить, что он был построен автохтонами (судя по традиции обезглавливания трупов, которая существовала в тех краях и ранее)? Кем могли быть эти автохтоны – J? И могла ли быть причиной сокрытия (закапывания) храма миграция в этот регион R1a с востока? По времени (VIII тыс. до н.э.) это совпадает. Заранее спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.06.2016 в 19:32](#)

Гадать здесь можно сколько угодно, но это будет не более, чем просто гадание. Совпадение по времени – это аргумент очень низкого ранга. В те же времена происходили многие исторические процессы и многие миграции. Нужны аргументы более специфические. Более определенные аргументы, но тоже далеко не абсолютные – совпадение или сходство архитектурного типа построек. В литературе были соображения о сходстве архитектурных особенностей храмового комплекса в Гёбекли-Тепе и в Стоунхендж (Британские острова), и я уже много лет назад цитировал эти соображения в дискуссиях. Но цитировать – мало, надо анализировать исходные данные, причем анализировать самому, а не воспринимать на веру то, что пишут другие. Пишут и о том, что архитектурные особенности Стоунхенджа и Аркаима тоже похожи. Желаящие могут сравнить.

Что же касается гаплогруппы J – зачем же так односторонне? Научные принципы предписывают не выхватывать что-то одно, а приводить известные данные в совокупности. Ископаемые ДНК свидетельствуют о том, что в Анатолии с датировкой 8500-8200 лет назад найдены гаплогруппы J2a, H, H2, G2a, I, I2c, C1a. Нет оснований считать, что их не было и за две тысячи лет до того. Вот и выбирайте. Ответ прост – просто так выбрать нельзя.

*Иван* говорит:

[20.06.2016 в 01:49](#)

**Тема: тест в московской лаборатории ДНК-генеалогии**

Добрый день, Анатолий Алексеевич. Я довольно хорошо знаю свою родословную. Если по прямой мужской, то на 5 или 6 колен (могу уточнить у отца, он знает точно, по именам). С начала 19 века они жили на территории одного села. В Коми. В паспорте у отца было написано “коми”. Хотя я, например, язык не знаю, при переписи населения указал, что “русский”. Логично предположить, что N1c1 (M178). Хотя с другой стороны, отец рассказывал легенду, что именно это село основали какие-то другие люди, не коми. Что может дать ваш тест (Академия ДНК-генеалогии), кроме подтверждения этой гипотезы?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.06.2016 в 21:44](#)

>> ...отец рассказывал легенду, что именно это село основали какие-то другие люди, не коми. Что может дать ваш тест (Академия ДНК-генеалогии), кроме подтверждения этой гипотезы?

Вы не так ставите вопрос. Вы оставляете всего два варианта – либо N1c1 (считая, что это непременно коми), либо «какие-то другие, не коми». А что, если эти люди были не коми, но тоже N1c1? Или «другие», но с любой другой гаплогруппой? Иначе говоря, Вы уже настроились, что будут два варианта – или N1c1, или что-то другое, и это «другое» – другие люди. Да, будут всего эти два варианта, третьего уже быть не может при такой постановке задачи. Но каждый из этих двух вариантов включает массу подвариантов.

Теперь ответ на Ваш главный вопрос – что может дать тест? Вопрос законный. Ответ простой – дать знание Вашего рода. Либо он N1c1, либо другой. А что, если N1a? Или N1b? Или R1b? Или H? Или R1a? И вот тогда, зная Ваш род, Вы начнете разворачивать его историю, в том числе и в Вашем селе.

Сергей говорит:

[26.06.2016 в 00:27](#)

**Тема: охотники-собиратели и земледельцы Ближнего Востока, индоевропейцы**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Опубликовано новое исследование под заголовком “В древности на Ближнем Востоке земледелие изобрели дважды”, где сообщается следующее (выдержка):

Около 11 тысяч лет назад обитатели ближневосточного региона, известного под названием Плодородный полумесяц, перешли от кочевого образа жизни, при котором источником питания служили охота и сбор диких растений, к оседлому. Эти первые земледельцы также одомашнили животных: овец, свиней и других. Примерно 8 000 лет назад первые земледельцы стали мигрировать из Ближнего Востока в окрестные земли.... Группа ученых во главе с Иосифом Лазаридисом и Дэвидом Рейхом из Гарвардской медицинской школы использовала этот метод и сумела проанализировать геномы 44 жителей Ближнего Востока, умерших от 3,5 до 14 тысяч лет назад. Для каждого генома были исследованы тысячи однонуклеотидных полиморфизмов, по которым генетические образцы стало возможным сравнивать между собой и определять степень их близости.

Они обнаружили резкие различия между геномами неолитических обитателей южного Леванта, включающего Израиль и Иорданию, и тех, кто жил в Загросе, в западной части Ирана. Первые земледельцы Загроса

были более тесно связаны с охотниками и собирателями, которые жили в этом регионе до неолита. Такие различия в ДНК заставляют ученых подозревать, что охотники-собиратели в южном Леванте и в Иране независимо друг от друга перешли к земледелию.

Археолог Роджер Мэтьюз (Roger Matthews) из Университета Рединга, возглавляющий Central Zagros Archaeological Project, утверждают, что существуют и археологические подтверждения этого. Земледельцы Загроса выращивали полбу, а также первыми одомашнили коз. Их коллеги с юга Леванта растили пшеницу и ячмень. Около 9,5 тысяч лет назад обе сельскохозяйственные традиции начали распространяться по всему Ближнему Востоку. Ученый предполагает, что представители двух центров сельского хозяйства встретились на юге современной Турции, где искали обсидиан – минерал, из которого удобно делать различные орудия. Из Турции в Европу переселялись народы, у которых уже имелись культурные растения и одомашненные животные, характерные для обоих центров. Одновременно земледельцы Загроса двинулись на север в евразийские степи и на восток – в Индию. А жители Леванта переселялись в Африку, принеся земледелие туда.

Другое исследование, представленное некоторыми из членов этой исследовательской группы, посвящено прочтению полного генома женщины, жившей в Загросе 10 тысяч лет назад. Различия между ее геномом и генетическими характеристиками древних земледельцев Анатолии, по мнению исследователей, тоже указывает на независимое возникновение земледелия в Загросе. Эта работа также опубликована на сайте bioRxiv, [ссылка](#).

[Оригинальный текст в Nature.](#)

Продолжаю вопрос. Вы могли бы нормальным научным языком с позиции ДНК-генеалогии пояснить:

1. кого исследователи имеют в виду, видимо, на своём сленге, уже введённом в научный оборот, под “охотниками-собирателями” и “земледельцами”? Кто были эти люди, геном которых исследовался;
2. насколько могут быть достоверны представленные датировки;
3. правильно ли я понимаю, что в указанном исследовании также затронут индоевропейский вопрос, связанный с миграциями индоевропейцев?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[28.06.2016 в 01:41](#)

*>> кого исследователи имеют в виду, видимо, на своём сленге, уже введённом в научный оборот, под “охотниками-собираателями” и “земледельцами”?*

Это действительно жаргон, за которым кроется немного: охотники-собираатели – это те, кто жили ранее 7000 лет назад, фермеры – те, кто жили позже 7000 лет назад, на границе этого времени можно называть любым вариантом, да и не только на границе, а вообще везде. Никакого глубокого смысла в этом нет. На самом деле называют как хотят, по обстановке.

*>> насколько могут быть достоверны представленные датировки...*

Датировки в статье базируются в основном на археологических данных, что же касается геномных датировок, то, как здесь многократно обсуждалось, ценность их невелика, как и достоверность и надежность. Когда у популяционных генетиков есть археологические датировки, то и геномные получаются такими же – сюрприз, не так ли? Когда археологических датировок нет, то геномные датировки сразу становятся неопределёнными – мы видели, как гуляют эти датировки для «выхода современного человека из Африки» – от 50 до 200 тысяч лет, а на самом деле этот современный человек из Африки вовсе не выходил. Так что сами видите, какая цена этим датировкам.

Для того, чтобы понять суть и смысл «геномного анализа» в его текущем исполнении, перечитайте статьи на Переформате, и задавать такие вопросы не понадобится. Я переписываюсь с европейскими и американскими генетиками, и они весьма скептически относятся к получаемым данным, и тем более к их интерпретациям. В них нет того, что обязано быть в науке – воспроизводимость и проверяемость. Никто эти данные не повторяет и никто не проверяет. Методология меняется на ходу, и каждая последующая публикация уже обрабатывает данные по-другому, применяя новые методологии, расчеты, интерпретации. В общем-то так и должно быть, так развивается наука, но авторы не оглядываются и прежние данные не исправляют и не пересматривают. Полагают, что и так сойдет. В итоге доверия к результатам и интерпретациям – никакого.

Желающие могут потратить неделю (как минимум) времени, а то и месяц, и попытаться понять, какая там достоверность и какие возможны варианты результатов и интерпретаций. Но итог будет предсказуем – перепроверить невозможно, текст вязкий и уклончивый, выводы в основном произвольные. Предлагаю желающим попытаться разобраться и поделиться здесь своими наблюдениями.

*>> правильно ли я понимаю, что в указанном исследовании также затронут индоевропейский вопрос, связанный с миграциями индоевропейцев?*

Нет, этот вопрос там не затрагивался. Слова «индоевропейский» (или производные от него) нет ни в статье, ни в приложениях. На мой взгляд, все, что есть ценное в статье – это список Y-хромосомных гаплогрупп (Приложение 6). Но они опять фактически не использовались при интерпретации геномных данных. Поэтому опять у авторов пошла ерунда о якобы миграциях «фермеров» из Ирана в евразийские степи. Посмотрим, что там по Ирану. Ganj Dareh – это участок на высоте 1400 метров в горах западного Ирана, археологическая датировка участка – 10000-9700 лет назад, костные останки не датированы, кроме одного, который оказался древностью 330 лет назад, то есть средние века нашей эры. У одного показали, что у него отсутствует снип L448, что есть R1a-Z284, скандинавский субклад. И чего бы ему там быть, 10 тысяч лет назад? Да он и намного моложе. Нет там же и R1a-Z2123, и чего ему там быть, в те-то времена?

Нашли в Иране гаплогруппы J, P1, CT, G2a и G1a, датировок археологических опять, как правило, нет, и с чего решили, что они направились на север, в степи, и сделали там «вклад»? И во что вклад сделали? Вот, оказывается, откуда это – ссылка на Балановского, который это «предложил». Ни уму, ни сердцу. Еще, правда есть натуфийские гаплогруппы в Израиле – три E и две CT. Но тоже было бы неплохо, если бы кто разобрался, насколько определенные сделаны выводы по их геному. Похоже, предложили, что в Африку они не ходили. А если бы ходили – что бы это изменило? Какую историческую загадку решило?

*Геннадий* говорит:

[03.07.2016 в 00:50](#)

Для двух образцов из Ганджи-Даре [энтузиасты уточнили гаплогруппы](#) – R2a-Y3399 (I1945) и pre-R2-M479 (I1949), для Хоту – J2a-CTS1085 (I1293).

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[04.07.2016 в 22:19](#)

Ну и что это дало? Какую историческую загадку решило? Как думаете?

*Геннадий* говорит:

[26.06.2016 в 13:47](#)

**Тема: пазырыкская культура**

В первой части Прямой линии уже задавали вопрос относительно «принцессы Укока», но там речь шла о мтДНК. В [новой статье](#) утверждается, что у двух пазырыкцев из кургана 1 могильника Ак-

Алаха-1 обнаружена Y-хромосомная гаплогруппа N, но пока не делается выводов о субкладах. В комментариях же к статье Дмитрий Адамов пишет, что это однозначно N1b-P43. Насколько правомерен его вывод?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[28.06.2016 в 01:42](#)

Я отвечу на Ваш вопрос, но сначала Вы ответьте на мой – чем вызвано Ваше сомнение? Конкретно?

Геннадий говорит:

[28.06.2016 в 20:42](#)

Моё сомнение вызвано тем, что вообще определили гаплогруппу N, ведь ранее объявлялось, что у пазырыкца из долины Себыстея SEB 96K2 была обнаружена гаплогруппа R1a1a. Может этот SEB 96K представитель вовсе не пазырыкской культуры, а какой-нибудь соседней (усть-куюмской группы или кара-кобинской культуры по Молодину и др.).

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.06.2016 в 01:12](#)

>> Моё сомнение вызвано тем, что вообще определили гаплогруппу N...

Понятно. На самом деле определили гаплогруппу N, и гаплотип похож на базовый гаплотип субклада N1b-P43, в этом Д. Адамов прав. Вот древний гаплотип (в стандартном 17-маркерном варианте, но в последовательности FTDNA):

13 23 14 10 12 13 10 13 14 29 – 16 14 18 12 15 10 24

А вот базовый гаплотип современных N1b-P43, с общим предком 4085±600 лет назад:

13 23 14 10 12 12/13 10 13 12/14 29/31 – 16 14 18 11 15 10 24/25

Гаплотипов всего семь (в базе данных N FTDNA), поэтому некоторые аллели оказываются неопределенными. Как видите, они вполне похожи.

>> ведь ранее объявлялось, что у пазырыкца из долины Себыстея SEB 96K2 была обнаружена гаплогруппа R1a1a.

Было бы полезным написать, когда и кем объявлялось, и где было опубликовано. Эту информацию я, видимо, пропустил, а на слово



воспринимать не приучен. Я не знаю ископаемых Y-гаплотипов пазырыкской культуры, но мтДНК их были опубликованы. Возможно, я пропустил. Но в любом случае, этот N1b может быть «свой», а может быть и случайный. Как Вы справедливо пишете, мог быть и соседней культуры, мог быть пленным, рабом и так далее. Ископаемые гаплотипы часто дают обманчивую информацию. Поэтому они должны либо в целом подтверждать картину, ранее полученную, либо перепроверяться другими ископаемыми ДНК. Одиночные ДНК, которые ломают достигнутую схему, должны посидеть в запаснике до подтверждения.

>> *Может этот SEB 96K представитель вовсе не пазырыкской культуры, а какой-нибудь соседней (усть-куюмской группы или кара-кобинской культуры по Молодину и др.).*

Может быть, поэтому необычные одиночки должны рассматриваться как вторичная информация, лишь принимаемая к сведению, но не с решающим голосом.

Геннадий говорит:

[03.07.2016 в 04:43](#)

Видимо, себштейца стали приписывать к пазырыкской культуре после единственного упоминания последней [в работе Ricaut F.X. et al. 2004 года](#): Genetic analysis and ethnic affinities from two Scytho-Siberian skeletons: "The structure of these two kurgans, funeral artifacts (e.g., bone arrowheads and ceramic vases typical of the Pazyryk culture, and leather laces), and sacrificial gifts (bone fragments of domesticated animals) found in the tombs are typical of the Scytho-Siberian culture of this region (Bourgeois et al., 2000)". Больше в статье пазырыкская культура не фигурирует, оба исследованных кургана относят к Scytho-Siberian culture и датируют методом дендрохронологии серединой 5-го века до н.э.

И. Рожанский говорит:

[29.06.2016 в 04:40](#)

>> *Гаплотипов всего семь (в базе данных N FTDNA), поэтому некоторые аллели оказываются неопределенными.*

А зачем использовать такие скудные данные, когда в нашем распоряжении есть база данных IRAKAZ-2016, где имеется 42 37-маркерных, 31 67-маркерный и 14 111-маркерных гаплотипов субклада R43? Вот базовый 111-маркерный гаплотип этой ветви:

13 23 14 10 12-12 11 12 10 13 14 30 16 9-9 11 12 28 14 18 27 13-14-16-16 11 11 18-19 15 14 17 17 35-38 12 10 11 8 15-16 8 11 10 8 10 11 12 20-23 13 10 12 12 17 7 13

21 21 14 12 11 10 11 11 12 11 36 14 8 15 12 23 27 19 13 12 13 11 12 9 12 11 10 10  
12 29 12 12 22 18 11 11 23 15 19 14 22 17 11 15 26 12 **24** 18 10 14 17 8 12 11

Жирным шрифтом выделен фрагмент, соответствующий формату Yfiler. При счете по 111 маркерам время жизни предка попадает на 3900±450 лет назад.

Находка ископаемого гаплотипа N1b на Алтае вполне закономерна, потому что в современной полевой выборке Dulik с соавторами нашли ее представителей среди коренных жителей этого региона – кумандинцев и челканов. Время жизни предка этой группы алтайцев типично для народов Сибири и евразийских степей – 1300±310 лет назад. Однако это не означает, что во времена Пазырыкской культуры их предки не жили на Алтае. Вот базовый гаплотип этой молодой ветви в 17-маркерном формате:

12 23 14 10 12 **12** 10 13 14 29 – **17 14 19** 12 15 10 24

С ископаемым гаплотипом он расходится всего на 3 мутации (выделены), то есть с большой вероятностью ископаемый гаплотип принадлежит к ветви, предковой для той, начало роста которой приходится на эпоху тюркской экспансии. Ситуация как две капли воды напоминает историю с находкой ископаемых гаплотипов 3800-летней давности из Минусинской котловины, что очень близко к базовому гаплотипу киргизской ветви R1a-YP1456. Ее представители также были найдены на Алтае в уже упомянутой работе Dulik с соавторами, и в этой выборке она также довольно молода – 1000±180 лет до предка.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.06.2016 в 18:20](#)

>> Гаплотипов всего семь (в базе данных N FTDNA), поэтому некоторые аллели оказываются неопределенными.

>> А зачем использовать такие скудные данные, когда в нашем распоряжении есть база данных IRAKAZ-2016...

>> При счете по 111 маркерам время жизни предка попадает на 3900±450 лет назад.

Да, конечно, лучше было использовать данные IRAKAZ. Но вопрос был простой, под рукой был список проекта FTDNA, и для ответа на вопрос этого было достаточно. Часто ведь мы используем то, что достаточно для ответа, а не проводим исследование по каждому проходному случаю. Тем самым экономим время и в итоге делаем больше. Главное, соблюдать баланс между значимостью текущей работы и приоритетами, с одной

стороны, и между детализацией (которая не всегда нужна) и срезанием углов (что часто граничит с небрежностью), с другой. Ведь при вопросе «который час» мы не говорим – сейчас я свяжусь с центром атомных часов, и дам ответ с точностью до сотой доли секунды.

К тому же польза от скудных данных была – и ответ на вопрос был получен, и, более того, читатели убедились, что даже скудные данные, по семи гаплотипам, дали датировку ( $4085 \pm 600$  лет назад), которая практически совпадает с  $3900 \pm 450$  лет назад, полученной для большей серии протяженных гаплотипов. Это – важный пример, потому что многие считают («по понятиям»), что нужно весь народ перемерить, чтобы получать достоверные данные. На самом деле это не так, и часто даже малые выборки дают ответы на поставленные вопросы. Главное – понимать суть поставленного вопроса, и то, с какой точностью ожидается (и требуется) ответ.

*>> Однако это не означает, что во времена Пазырыкской культуры их предки (гаплогруппы N) не жили на Алтае.*

Как легко выйти за пределы дискуссии. Никто ведь не говорил, что предки гаплогруппы N не жили на Алтае. Вот и ископаемую гаплогруппу N1b нашли, на Алтае. Говорили не про Алтай в целом, а про пазырыкскую культуру – является ли эта N1b там случайной, со стороны, или ее носители составляли часть (или целиком) пазырыкскую культуру. Мой ответ был – пока надо отнестись к этому с осторожностью. Либо это случайный, нехарактерный образец, и последующий десяток (или более) ископаемых ДНК покажут, например, R1a (или другую гаплогруппу), или, наоборот, последующий десяток покажет именно N1b (и родственные субклады), или, наконец, все будут смешанными. Ископаемые ДНК обманчивы – нашли один вариант, и все забегали, затрубили, что всё уже ясно. А оно ясно далеко не всегда – когда заранее предсказано, или согласуется с окружающими данными, это один вариант, когда не согласуется с представлениями, с общей картиной – другой вариант, его нужно подтверждать, и с этим разбираться.

Пример был – например, в андроновской культуре нашли девять R1a и один C. Но там было уже заранее ожидаемо, что должны быть R1a, поэтому на C особенно и внимания не обращали. Хотя были голоса, что носители гаплогруппы C в андроновской культуре могли играть важную роль. А потом выяснилось, что C – из соседней культуры, предки современных эвенков.

*Екатерина говорит:*

[29.06.2016 в 23:29](#)

В этой связи не подскажете, в жижицкой культуре, Сертея 2, вместе с R1a найдена N1c? Есть ли там информация по нисходящим субкладам, и возможно ли определить время жизни предка? Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[01.07.2016 в 14:22](#)

Информация – только та, что представлена (см. таблицу ниже). Это – тот самый случай, что обсуждался выше. Имеется единичный пример N1c, пояснений нет, пытались ли найти нижестоящие субклады – не сказано, хотя N1c1 образовалась примерно 15100 лет назад. А датировка погребения, по данным авторов – примерно 4500 лет назад. В результате – головоломка: или это ошибка, и там не N1c (образец-то единичный), или этот N1c значительно более поздний, и попал в захоронение случайно (впускное захоронение, например, или просто позднее захоронение на том же месте), и таких случаев сколько угодно – мы недавно разбирали статью про древние иранские ДНК, и там при датировке места захоронения 8 тысяч лет назад (по памяти) оказался скелет нашей эры, средневековый. Тем более здесь Смоленская область – там столько захоронений всех времен, что надо специально рассматривать разные варианты. А в таблице даже не указано, датировка чего – то ли самого Сертея, то ли данной кости (что маловероятно).

В итоге имеем почти абсурдную ситуацию – образец ломает всю картину представлений, а там – единичный образец, типирование явно поверхностное, датировки образца нет (радиоуглеродом, например), описание тоже поверхностное. А ломает картину – потому что различные выборки современных носителей N1c (почти исключительно N1c1) к западу от Урала дают датировку общего предка  $3200 \pm 330$  лет назад, и вот дилемма – то ли N1c были там раньше и прошли бутылочное горлышко популяции, то ли это ошибка. Но при единичном образце и поверхностном описании эту дилемму не разрешить. В итоге на весах огромный массив данных, и против него – единичный поверхностный результат.

Авторов нельзя ругать – они не специалисты, сделали то, что им казалось нормальным, а на самом деле получилось – в отношении N1c – ни то, ни сё. Ругать надо не их, а тех, кто хватается сырые данные, и принимает их за кардинальный вывод.

Приведу как альтернативу другой пример – я сотрудничаю с археологами, и вот они сообщают, что нашли кости в важном захоронении, и определили, что там R1a. Я им в ответ, что по нынешним временам этого мало, надо непременно определять субклад, иначе вывод будет слишком поверхностный и неинтересный. Ничего не даст. Посоветовал им несколько субкладов для определения, исходя из

соображений по истории региона. Они сделали – и данные заиграли совсем по-другому. Вот, к сожалению, авторам упомянутой выше работы никто не подсказал, что и как надо было сделать.

**Табл.3. Результаты генотипирования палеоматериала из археологических памятников Верхнего Подвинья.**  
**Table 3. Results of genotyping of the material from archaeological sites of Upper Dvina region.**

№	Материал <i>Material</i>		Датировка <i>Date</i>	Гаплогруппы <i>Haplogroups</i>	
	Место изъятия <i>Site</i>	Тип		Y- хр-мы <i>Y-chromo- somes</i>	мтДНК ГВС1 (митотип) <i>mtDNK Mitotype (HVS1)</i>
A3	Смоленская обл., Велижский район. Памятник Сертея VIII <i>Site Serteya VIII</i>	Зуб (8) <i>tooth</i>	рубеж V – IV тыс. до н.э. <i>boundary of V-IV mill. BC</i>	R1a1	H (132T; 163T; 166G; 256T)
A4	Псковская обл., Куньинский район. Городище Анашкино <i>Anashkino hillfort</i>	зуб (7) <i>tooth</i>	VIII – V вв до н.э. <i>VIII-V c. BC</i>	R1a1	H (119T; 137G; 256T 257A; 376C)
A5	Псковская обл., Невельский район. Погребение культуры длинных курганов «Девичьи горы» <i>Burial "Devichi gory"</i>	Фрагменты черепа <i>fragment of a skull</i>	VIII – X вв н.э.  <i>VIII – X c. AD</i>	N1c	H2 (CRS)
A6	Смоленская обл., Велижский район. Памятник Сертея II <i>Site Serteya II</i>	Локтевая кость <i>ulnar bone</i>	Середина III тыс. до н.э. <i>middle of III mill. BC</i>	N1c	H2 (CRS)
A8	Псковская обл., Куньинский район. Памятник Наумово <i>Site Naumovo</i>	Тазовая кость <i>pelvic bone</i>	Середина III тыс. до н.э. <i>middle of III mill. BC</i>	R1a1	H2 (CRS)
A9	Смоленская обл. Велижский район. Памятник Сертея II <i>Site Serteya II</i>	Фаланга <i>phalanx</i>	Середина III тыс. до н.э. <i>middle of III mill. BC</i>	R1a1	H2 (CRS)

CRS – Cambridge reference sequence.

Екатерина говорит:

[01.07.2016 в 19:58](#)

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич. Конечно, по одной находке какие могут быть выводы. Но сам факт интересный, будем ждать дальнейших результатов. Меня интересует этот вопрос даже не в связи с поиском корней финно-угорских народов, хотя это, безусловно, важно, а в ракурсе образования прибалтийских народов. Мы знаем, что современные жители Прибалтики имеют очень низкую степень “монголоидности”, и это достаточно странно. Если бы угорские народы пришли напрямую из-за Урала, то, учитывая относительно недавнее время жизни предка, фенотипически современные прибалты были бы больше похожи на жителей Русского Севера, коми, пермяков и др. Более

вероятной кажется другая модель. До образования предковой линии, утгры несколько тысячелетий могли сосуществовать вместе с R1a на Русской равнине. Соответственно, размыв свою монголоидность. Олений остров такую версию только подтверждает, учитывая антропологический тип погребений. А пройти бутылочное горлышко в середине 3 тыс. до н.э. жителям северных районов было очень не сложно, в связи с трансгрессией Балтики, и вытекающими последствиями, смены места жительства и т.д. В конкретном районе мы знаем жители сильно пострадали от контактов с представителями ямочно-гребенчатой керамики (большое количество пожаров). Но хочу повторить, что это только версия, будем ждать дальнейших находок.

*Илья говорит:*

[01.07.2016 в 04:18](#)

### **Тема: ДНК-тестирование**

Уважаемые Анатолий Алексеевич и Игорь Львович! Знакомясь с Вашими ответами на вопросы предыдущей прямой линии, обратил внимание на следующий комментарий: «Дело в том, что есть два способа определить свой субклад. Один – это снип напрямую не определять, а определить гаплотип, и оттуда, по набору чисел в гаплотипе, «предсказать» субклад. Другой способ – это напрямую определить снип.»

Будучи дилетантом в данном предмете, до этого момента ошибочно считал, что субклад всегда косвенно определяется по значениям аллель, и не знал, что его можно тестировать прямо. Теперь, благодаря Вам, понимание продвинулось, но и вопросы появились. Они касаются соотношения двух процедур: теста на аллели и теста на субклады.

1) Если тест на аллели и тест на субклады – это отдельные процедуры, то тогда почему они всегда увязываются друг с другом? Почему нельзя сразу протестировать субклады, минуя тест на аллели? Например, FTDNA требует сначала пройти тест на аллели в одном из трех его вариантах (37, 67, 111 аллель) и только после этого открывает доступ к «продвинутым» тестам на субклады: SNP Pack и BigY? В чем причина такой увязки (помимо коммерческого интереса компании)?

2) Если уже заранее принято решение не предсказывать субклады по аллелям, а тестировать субклады прямо, то имеет ли в этом случае практический смысл гнаться за 111 аллелями? Поясню на примере: если я предоставлю Вам не 37 аллель ПЛЮС протестированную цепочку субкладов, а 111 аллель ПЛЮС ту же цепочку субкладов, что-то для Вашей интерпретации это существенно добавит? Интерпретировать, как понимаю, будет один из Вас двоих? Или длина аллели имеет значение



только, когда прямого тестирования субкладов не проводится, а интерпретация предсказывает их по аллелям?

3) Касательно глубины тестирования нижестоящих субкладов: не избыточна ли детализация BigY для Вашей интерпретации? Может быть, вполне достаточно протестировать пакет субкладов (так понимаю, предлагаемая FTDNA «продвинутой» опция SNP Pack покажет достаточно подробную цепочку нижестоящих субкладов, хотя и не полную как BigY)? Иначе говоря, если текущие возможности Вашей интерпретации по выявленной в ходе теста гаплогруппе ограничиваются субкладом, например, двухтысячелетнего возраста, то тестировать нижестоящие относительно него субклады получается практического смысла нет, и разумнее «продвигаться» шаг за шагом, тестируя пакеты субкладов, нежели сразу выяснять всю цепочку посредством BigY?

Сразу скажу: все вопросы заданы из позиции человека, у которого нет или пока нет какого-то узкоспециального научного интереса, а есть простое человеческое стремление обрести чувство корней и выяснить миграцию своего рода настолько близко к сегодняшнему дню насколько это на данный момент возможно. Уверен, что в этом стремлении я не одинок, и Ваши ответы на эти дилетантские вопросы помогут тем, кто только готовится отправиться в путешествие по этому загадочному миру ДНК-генеалогии, который Вы для нас открыли.

*И. Рожанский* говорит:

[01.07.2016 в 18:27](#)

Уважаемый Илья, Ваш вопрос относится к категории того, как выбрать оптимальное сочетание цены и качества. Он совершенно разумный, но, как это часто бывает, универсального ответа на него нет. Для кого-то 111 маркеров в паре с BigY – вполне рутинный заказ, а кто-то мучительно размышляет, надо ли что-либо дозаказывать сверх 12-маркерного теста. Причем далеко не всегда это связано с финансовыми возможностями. Загляните, например, на [фамильный ДНК-проект Ротшильдов](#), чтобы убедиться в верности поговорки “копейка рубль бережет”. Теперь о конкретных вопросах.

1) Возможность заказать тест только на снипы в FTDNA имеется, но только в формате BigY и не напрямую, а через администраторов проектов. То же самое касается и 12-маркерных тестов, что до сих пор практикуются, например, при массовом тестировании потенциальных родственников или этнических групп, чтобы не тратиться на “попутчиков”. При частном заказе, действительно, компания требует вначале определить, как минимум, 37-маркерный гаплотип, видимо, с целью оградить себя от переизбытка отмены заказов и претензий со

стороны не слишком подкованных пользователей. Мне лично не раз приходилось, как со-администратору проекта R1a, просить клиентов отменить бесполезные заказы снипов. С другой стороны, из этических соображений администраторы, как правило, не пытаются “раскручивать” клиентов на новые заказы, предоставляя право решать им самим. Очень разумный подход для людей, не извлекающих дохода из этого занятия.

2) Универсального ответа на этот вопрос нет. Нередко 37 маркеров без снипов дают надежную привязку, а случается, что 111 маркеров не позволяют вычислить, какие снипы следует заказывать для уточнения. Для 90% клиентов FTDNA с постсоветского пространства 67 либо 37 маркеров + подходящий пакет снипов (если такой имеется в списке заказов) вполне адекватны, чтобы получить разумную интерпретацию. Остальные 10% требуют индивидуального подхода либо BigY, если позволяют средства.

3) Для нашей интерпретации детализация BigY, в принципе, избыточна, хотя ее наличие, конечно, будет большим подспорьем. Пакеты снипов, разрабатываемые, как правило, администраторами проектов, – это хорошая альтернатива, но, к сожалению, далеко не все гаплогруппы и субклады пока имеют такие пакеты. В числе “обделенных”, как ни удивительно, находится широко распространенная в Европе гаплогруппа I1, носителем которой, например, был Л.Н. Толстой. В таком случае см. выше про индивидуальный подход.

*>> есть простое человеческое стремление обрести чувство корней и выяснить миграцию своего рода настолько близко к сегодняшнему дню насколько это на данный момент возможно.*

Полностью разделяю Ваши чувства, но хочу предупредить, что не надо ожидать, что ДНК-тест преподнесет все ответы на блюдечке с голубой каемочкой. Исследуйте историю своего рода всеми возможными средствами, не стесняйтесь спрашивать старшее поколение, читать литературу по истории и ономастике, работать в архивах, наконец. “Кто ищет, тот всегда найдет.”

Илья говорит:

[01.07.2016 в 23:57](#)

Благодарю за толковый и искренний ответ.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[01.07.2016 в 23:14](#)



*>> Если тест на аллели и тест на субклады – это отдельные процедуры, то тогда почему они всегда увязываются друг с другом? Почему нельзя сразу протестировать субклады, минуя тест на аллели?*

Уважаемый Илья, насколько я уловил боковым зрением, Игорь Львович уже ответил на Ваши вопросы. Я умышленно не стал читать его ответы, хотя уверен, что они познавательные и толковые. Прочитаю потом. А пока я опять же умышленно дам свое толкование, понимая, что наши ответы будут дополнять друг друга. Делаю так потому, что Вы задали важные вопросы.

Не знаю как у кого, а у меня есть профессиональная привычка отвечать на вопросы, которые ставит природа (или люди), с разных сторон. В этом отношении описание результатов ДНК теста со стороны снийпов и анализа гаплотипов как нельзя лучше подпадает под мою профессиональную философию. Как правило, они дают взаимно дополняющие результаты. И вот почему. Снийп не дает датировку, мутации в гаплотипах дают. С другой стороны, мутации в гаплотипах часто не дают субклад (снийп), то есть не дают отнесение к конкретной ДНК-ветви, а снийпы дают. Снийпы часто недотипированы, то есть поверхностны. Анализ гаплотипов позволяет порой (часто) уйти намного глубже, чем поверхностный анализ снийпов. Иначе говоря, анализ гаплотипов («тест на аллели») и идентификация снийпов дает значительно более надежный ответ. Они работают в синергизме.

Только что я работал с интерпретацией данных по носителю I1-M253. Это – поверхностное типирование. А его 18-маркерный гаплотип в составе серии из 935 гаплотипов в 18-маркерном формате позволил выявить его снийпы в следующем виде: I1-M253 > DF29 > Z63 > BY151 > L849 > S2078 > Y6375. Получилось так, что его гаплотип удачно лег в недавнюю ветвь, для которой эти снийпы уже были определены. А не было бы гаплотипа – так и остался бы он с поверхностным типированием I1-M253. Скептик скажет – ну, это случайно совпало. Так получилось. А если бы сделали с 111-маркерным гаплотипом, то, возможно, ушел бы в другую ветвь. Мой ответ – возможно. Только я такую критику не приемлю. Потому что сделали бы с 200-маркерным гаплотипом – возможно, и в третью ветвь ушел бы. Но наука не терпит сослагательного наклонения. Она оперирует тем, что нашли до настоящего времени. Вот когда сделаете 111-маркерный, и получите другие результаты – вот тогда и будем обсуждать. А пока имеем то, что имеем. Так развивается наука.

*>> Например, FTDNA требует сначала пройти тест на аллели в одном из трех его вариантах (37, 67, 111 аллель) и только после этого открывает доступ к «продвинутым» тестам на субклады: SNP Pack и BigY? В чем причина такой увязки...?*

Я не знаю причин, и, честно говоря, они меня не интересуют. Технически они могли бы сразу делать BigY, а значит, «увязка» диктуется не техническими вопросами. А тогда зачем мне гадать, что мне, делать нечего, чем пытаться читать их мысли?

*>> Если уже заранее принято решение не предсказывать субклады по аллелям, а тестировать субклады прямо, то имеет ли в этом случае практический смысл гнаться за 111 аллелями?*

Я не знаю, кто принимает такое «решение» и на основании чего. Повторяю, что надо сначала сформулировать вопрос, и исходить из него. Если вопрос в том, чтобы узнать субклад, то гаплотип вообще не нужен, ни 111-маркерный, ни 12-маркерный. Если вопрос в том, чтобы максимально полно описать тест на Y-хромосому, то нужен и субклад, и гаплотип, и их детальная интерпретация. Если вопрос в том, чтобы максимально сэкономить деньги, и получить первичную характеристику Y-хромосомы, то делайте 12-маркерный гаплотип и поверхностный сноп на уровне N, H, L или что получится. Уже лучше, чем ничего.

*>> Поясню на примере: если я предоставлю Вам не 37 аллель ПЛЮС протестированную цепочку субкладов, а 111 аллель ПЛЮС ту же цепочку субкладов, что-то для Вашей интерпретации это существенно добавит?*

Вы допускаете ту же банальную ошибку – не ставите вопрос, на который ищется ответ. Если вопрос в том, чтобы найти «гаплотип первого уровня», то есть на уровне N, H, L или что получится, то и 37-маркерный гаплотип не нужен, настолько же, насколько не нужен и 111-маркерный. Не нужна и цепочка субкладов. Если же Вы хотите максимально полную и точную интерпретацию, то нужна и цепочка субкладов, желательно BigY или эквивалентного тому, и максимально протяженный гаплотип.

*>> имеет значение только, когда прямого тестирования субкладов не проводится, а интерпретация предсказывает их по аллелям?*

Вы забываете про датировки, и упоминаете только субклады. Это опять потому, что Вы не ставите вопрос, и отвечаете не ясно, на что. Более того, после определенного глубокого уровня по снопам гаплотипы уже становятся нечувствительными к субкладам. Иначе говоря, они становятся уже одинаковыми. Опять нужен вопрос, что Вы хотите – определить глубокие снопы? Насколько глубокие? До какого временного уровня? Если глубокого, тогда надо определять глубокие снопы в любом случае. Тогда и гаплотип может быть не нужен.

*>> не избыточна ли детализация BigY для Вашей интерпретации?*

Та же банальная ошибка. Избыточна для ответа на какой вопрос? Бывает так, что для поставленного вопроса и BigY недостаточен. На самом деле для интерпретации ничего нет избыточного, если помогает решить главную задачу интерпретации – максимально описать данную ДНК-генеалогическую линию.

*Сергей* говорит:

[02.07.2016 в 00:06](#)

>> Снил не дает датировку, мутации в гаплотипах дают.

Здесь не очень понял, а расчеты YFull, они же по сникам считают датировки или здесь что-то иное имеется в виду?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[04.07.2016 в 22:24](#)

>> Здесь не очень понял, а расчеты YFull, они же по сникам считают датировки...

Это обычно не те датировки. Одно дело «считать датировки» возникновения гаплогруппы или субклада, что делают YFull, другое – считать датировки жизни общего предка группы гаплотипов современников. Пример – только что Академия делала интерпретацию данных для носителя субклада N1c-M178, как показал снил. Датировка возникновения этого сника по данным YFull – 14100 лет назад. Вас такая датировка для общего предка устроит? А по серии гаплотипов, куда входит данный гаплотип, общий предок этой серии жил 3800 лет назад. А мог бы оказаться, если серия недавняя, 500 лет назад. То есть сники и мутации в гаплотипах дают обычно разные ответы. А чтобы ответы были одинаковыми или близкими, нужно не просто смотреть на тот снил, который определили, его, как правило, недотируют, а нужно проводить детальный анализ **всех** сников, а **все** никогда не определяют.

Более того, для недавних общих предков датировки по сникам очень неточные, потому что сников мало. Пример – гаплогруппа A00, для которых собрали 11 гаплотипов в племени Mbo. Для каждого из них определили 95-маркерные гаплотипы, до 111-маркерных не дотянули, авторов напугали 16 мультимаркерных аллелей, авторы не знали, как их воспринимать. Да, собственно, авторы статьи (Mendez и др., 2013) и не знали, как считать датировки по мутациям в гаплотипах, потому и не считали. Неясно, зачем в такой ситуации гаплотипы вообще определяли, но спасибо, что определили. На самом деле константа скорости мутации для такой усеченной панели равна 0.161 мутаций на гаплотип за 25 лет. Все гаплотипы содержали всего 29 мутаций, что дает 425±90 лет до

общего предка тех 11 человек гаплогруппы A00. А гаплогруппа A00, по данным YFull, образовалась 235900 лет назад, до нее 2509 снип-мутаций.

Далее начинается гроздь вопросов, на которые, видимо, только YFull смогут ответить, хотя не уверен. Поскольку на снип приходится 144 года, по данным тех же YFull, то получаем  $2509 \times 144 = 361296$  лет. А как же 235900 лет? На их сайте ответа нет, нет и пояснений.

А для датировки общего предка (TMRCA) кликаем на кнопку info. Оказывается, время до общего предка рассчитывали по двум человекам, у одного насчитали 8 снипов, у другого 2 снипа. Поскольку на снип приходится 144 года, то получаем  $8 \times 144 = 1152$  года до предка, у другого 288 лет, с учетом поправок получили 1224 и 357 лет. Усреднили, записали 790 лет до общего предка, в таблицу выше занесли 800 лет. Погрешность, конечно, не записали, у поппенетиков такое не принято, и YFull, к сожалению, приняли такую же систему погрешности не показывать. Видимо, потому что пришлось бы записать  $790 \pm 613$ .

A00 (age: 790 ybp)		Formula: $(1224+357)/2$					
TMRCA		SNPs					
BRANCH ID	SAMPLE ID	NUMBER OF SNPS	COVERAGE (BP)	FORMULA TO CORRECT SNPS NUMBER	CORRECTED NUMBER OF SNPS	FORMULA TO ESTIMATE AGE	AGE BY THIS LINE ONLY
GRC13292546		8.0	8402563	$8.0/8402563 * 8467165$	8.06	$8.06 * 144.41 + 60$	1224
GRC13292545		2.0	8241746	$2.0/8241746 * 8467165$	2.06	$2.06 * 144.41 + 60$	357

Пояснений, от чего отсчитывали эти 8 и 2 мутации, на сайте YFull нет.

Мне бы не хотелось здесь критиковать YFull за то, что непонятно, откуда берутся данные, и как эти 8 и 2 мутаций корреспондируют с 2509 мутаций, и откуда последние тоже появились... Хотя ясно, что резервы у YFull по части пояснений есть, и немалые. Но примеры расчетов датировок по снипам читатели увидели. Есть расчеты вполне удовлетворительные, есть вполне хорошие, есть, как видите, не очень, но в целом YFull делают важную и полезную работу.

Илья говорит:

[02.07.2016 в 02:50](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, пара уточняющих вопросов, чтобы развеять некоторое недопонимание, которое, чувствую, с моей стороны по-прежнему сохраняется. Но сначала по поводу моего запроса. Поскольку с предметом ДНК-генеалогия я столкнулся впервые, то запрос мой на данный момент формулируется поверхностно, как обозначено выше: выяснить миграцию своего рода настолько близко к сегодняшнему дню насколько это на данный момент возможно. Со временем, когда я познакомлюсь с Вашим предметом ближе, буду в состоянии свой запрос конкретизировать, но пока так. Соответственно, я готов (в т.ч. финансово) копать глубоко, но до тех пор, пока это будет приносить содержательные для меня, исходя из моего пока поверхностного запроса, ответы, чтобы, как Вы совершенно справедливо неоднократно отмечали, не иметь на руках кучу оплаченных данных, с которыми непонятно что делать. Теперь уточняющие вопросы:

Терминальный сноп. Что это? Будьте добры, раскройте содержание этого упоминаемого Вами иногда термина. Это и есть тот глубокий уровень, ниже которого субклады становятся одинаковыми? И как далеко терминальные снопы отстоят от сегодняшнего дня, например, для основных субкладов R1a? На столетия? На тысячелетия? Дотягивают ли они до письменных источников или всегда обрываются за столетия до них, образуя зазор неизвестности? Это и есть та глубина, до которой имеет смысл докопаться с учетом моего запроса, чтобы не быть «недотипированным»? Копать глубже терминального снопа имеет смысл, только имея на то специальный научный запрос?

Про датировки, «о которых я забываю». Вот я, человек из другого предмета, захожу в гости в Ваш предмет, на Вашу вотчину со своим поверхностным запросом и, оглядываясь по сторонам дилетантским взором, вижу, что во всех материалах Вашего предмета субклады фигурируют уже с датировками. Соответственно возникает вопрос: «забытые мною» датировки по аллелям, о которых вы упомянули в Вашем ответе, они к этим уже имеющимся датировкам субкладов что добавляют? И добавляют ли? Опять же исходя из моего запроса?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[04.07.2016 в 22:22](#)

*>> пара уточняющих вопросов, чтобы развеять некоторое недопонимание, которое, чувствую, с моей стороны по-прежнему сохраняется.*

Уважаемый Илья, Ваше недопонимание аналогично тому, что возникает при сексе по телефону. Пока сами не начнете, недопонимание будет оставаться. Вы, видимо, полагаете, что можно освоить ДНК-генеалогия

путем вопросов-ответов. Но это не так, надо самому пройти хотя бы несколько десятков конкретных расчетов. Содержательные, как Вы выразились, ответы, Вы все равно в полной мере не получите, просто сейчас Вы перекладываете свои трудозатраты на меня.

Коротко отвечу. Терминальный снип – это тот, до которого прошло определение снипов у конкретного человека на сегодняшний день. Завтра он уже будет, вполне возможно, другой. А может и останется еще на какое-то время. Его иногда обозначают звездочкой. Например, R1a-M198\* у Петрова означает, что все попытки найти у него нижестоящий снип пока не увенчались успехом. Все они дали отрицательные результаты. Никакие письменные источники не имеют к нему ни малейшего отношения.

>> ...возникает вопрос: «забытые мною» датировки по аллелям, о которых вы упомянули в Вашем ответе, они к этим уже имеющимся датировкам субкладов что добавят? И добавят ли?

Вопрос не понят. В общем случае – добавит любая информация. Опять всё зависит от вопроса, который ставится. Одному и малого достаточно, а другому и большого мало.

Фалко говорит:

[17.08.2016 в 13:26](#)

### **Тема: гаплогруппа R1b и субклады**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, что вы скажете по поводу [этих сведений](#)? Я о том, что [по вашим сведениям](#) у 11 найденных представителей Ямной культуры, носителей гаплогруппы R1b, нашли субклады: у пяти Z2103/Z2105, у одного L23 и у пяти M269. А по данным FTDNA у 11 ямников нашли субклады: у восьми Z2103/Z2105, у одного L23 и лишь у двоих M269, также нашли у всех 4 представителей Полтавкинской культуры субклад Z2103/Z2105. Я так понимаю, что FTDNA дотипировала часть находок, или этим сведениям верить не стоит? Я это к тому, сколько в потенциале могут найти носителей субклада L23 гаплогруппы R1b, и поэтому, каким может стать в итоге соотношение субкладов Z2103/Z2105 и L23 у представителей Ямной и Полтавкинской культур.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.08.2016 в 17:27](#)

>> ...по вашим сведениям у 11 найденных представителей Ямной культуры, носителей гаплогруппы R1b, нашли субклады: у 5 Z2103/Z2105, у 1 L23 и у 5

*M269. А по данным FTDNA у 11 ямников нашли субклады: у 8 Z2103/Z2105, у 1 L23 и лишь у 2 M269, также нашли у всех 4 представителей Полтавкинской культуры субклад Z2103/Z2105. Я так понимаю, что FTDNA дотипировала часть находок, или этим сведениям верить не стоит?*

Для начала, эти сведения не мои, это данные статей Allentoft и др. (2015) и Наак и др. (2015). Далее, «дотипировать» эти данные, введенные в геномную базу данных, может не только FTDNA, а любой желающий, который умеет работать с геномными данными. Возможно, это сделал и Сергей Малышев, имя которого стоит на диаграмме, которую Вы привели в виде иллюстрации. Наконец, почему Вы так ставите вопрос, а именно «сколько в потенциале могут найти носителей субклада L23 гаплогруппы R1b, и поэтому, каким может стать в итоге соотношение субкладов Z2103/Z2105 и L23 у представителей Ямной и Полтавкинской культур? ».

Точнее, здесь два вопроса. Сколько могут найти носителей субклада L23, как Вы спрашиваете? Да сколько выкопают, столько и найдут. Может, сотни, может, тысячи, может, больше. Зависит от интенсивности археологических работ и решения определять гаплогруппы-субклады Y-хромосомы в ископаемых костях. Второй подвопрос, как и первый, не слишком корректен. Дело в том, что Z2103/Z2105 (они обычно встречаются вместе, то есть параллельно) – это тоже субклад L23, просто его выявляют более глубоким типированием. Не прошли глубже – имеем M343 (то есть R1b), прошли поглубже – имеем M269, прошли еще поглубже – имеем L23, прошли еще глубже – имеем Z2103/Z2105, а то и Z2103 и Z2105 раздельно. При чтении статей мы не знаем, поленились ли авторы типировать глубже, или просто у них не получилось – древние образцы капризны и часто плохо воспроизводимы, или, наконец, пропахали вдоль и поперек, многократно воспроизводили данные, и упорно получали, что ниже L23 ничего не обнаруживается. Тогда пишут, что нашли L23\*, то есть это в данном случае «терминальный сноп». Это бывает тогда, особенно в древности, когда данный ископаемый человек – потомок носителя «беспримесного» субклада L23, может и тогда, когда Z2103/Z2105 еще не образовались, как не образовались еще никакие нижестоящие субклады по отношению к L23.

Поэтому ставить вопрос в таком виде, как Вы ставите – это надо иметь исчерпывающие данные по типированию ископаемых ДНК, знать всю «кухню» подготовки данных, насколько старательно и воспроизводимо типировали каждый образец, есть там M269\*, L23\* или другие результаты со звездочкой, и насколько это всесторонне «пропахано». Но никаких звездочек в цитируемых статьях мы не видим, а это значит, что индексы M269 или L23 здесь являются только приближением, и только наличие Z2103/Z2105 показывает, что действительно в данном конкретном случае (и только в данном конкретном случае) прошли до этого уровня. А в остальных просто могли недотипировать.

Теперь понятно, почему вопрос некорректен. О каком «соотношении» L23 и Z2103 может идти речь, когда там все могут быть Z2103, в том числе и те, что обозначены M269. Поэтому специалисты такой вопрос никогда не поставят. Они понимают, что вопросы надо задавать такие, ответы на которые имеют смысл. Более того, они задают вопросы, ответы на которые могут решить историческую (или другую) загадку. Поэтому вопросы задают обычно на другом уровне, исходя из реалий современного состояния науки. Например, происходит ли полтавкинская культура из ямной? Ответ, да, на новом уровне знаний – происходит. Потому что – цитирую свою недавнюю книгу «Ваша ДНК-генеалогия» (2016) – *«в полтавкинской культуре нашли те же самые субклады, что у в ямной культуре – R1b-Z2103/Z2105 (у двух скелетных остатков), L23, M269 (у двух), датировки всех близки друг другу, 4690±200 лет назад».*

Как видите, никакого вопроса о «соотношении» здесь нет, да он и не нужен. Главное – что в обеих культурах найдена гаплогруппа R1b, в обеих найдены M269, L23, Z2103/Z2105. Еще пример, опять цитата из той же книги – *«Эти данные ДНК-генеалогии показывают ошибочность представлений археологов, которые выводят срубную культуру (R1a) из ямной (R1b) и далее полтавкинской (R1b)...».* Как видите, опять никакого «соотношения» не надо, вопрос решается на другом, более важном, принципиальном уровне. Поэтому совет – когда задаете вопрос, то исходите из того, для чего Вам нужен ответ. Для решения какой последующей задачи. Желательно, актуальной.

*Сергей Васильевич* говорит:

[17.08.2016 в 15:16](#)

### **Тема: мутации в ДНК**

Есть небольшая группа вопросов относительно скорости мутации человеческого гена. Какие факторы влияют на скорость? 1. Химический состав воздуха и воды. Температура воздуха и воды. 2. Атмосферное давление. 3. Солнечная радиация. 4. Магнитное поле Земли. 5. Радиационный фон региона обитания. 6. Структура питания. Рыба, растительные белки, животные белки, углеводы, жиры. 7. Эмоционально-гормональный стресс.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[17.08.2016 в 19:09](#)

Должен сказать, что Вы обратились не по адресу, если полагаете, что этот вопрос относится к ДНК-генеалогии. ДНК-генеалогия генами не



занимается, она занимается негеновыми участками Y-хромосомы, да и в Y-хромосоме генов почти нет. Но, возможно, Вы просто сделали ошибку, назвав гаплотипы и гаплогруппы генами. Это – довольно распространенная ошибка, и ее совершенно бессмысленно культивируют Балановские, которые никак не могут усвоить разницу между генами и негеновыми участками в ДНК, хотя в ДНК генов всего около 2%.

Короче, называть снипы и гаплотипы/маркеры в Y-хромосоме «генами» категорически нельзя. Называть совокупность снипов и гаплотипов «генофондом» категорически нельзя. То, что их так называют Балановские – это или вопиющая безграмотность, или совершенно расхлябанный жаргон. Они, Балановские, повсюду используют термин «генофонд», относя его к гаплогруппам, субкладам и гаплотипам. Они не понимают, или не знают, что генофонд – это совокупность генов. Даже Википедия это знает, цитирую – *«Генофонд (также генный пул, пул генов – англ. «gene pool»)...*». Понятие генофонда сформулировал еще в 1928 году А.С. Серебровский, цитирую – *«Совокупность всех генов данного вида... я назвал генофондом»*. Нет в гаплотипах и гаплогруппах генов, никакой это не генофонд.

Так вот, если Вы просто ошиблись, и назвали «генами» маркеры в гаплотипах, то ответ простой – ничего из перечисленного Вами на скорости мутаций в гаплотипах не влияет. И доказательство простое – константы скоростей мутаций в гаплотипах одинаковы для популяций по всей планете. Более того, трудно себе представить, чтобы одиночная снип-мутация где-то в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 10 123 565, определяющая гаплогруппу или субклад, каким-то образом влияла на скорость мутации многонуклеотидного маркера в гаплотипе, отстоящего на миллионы или десятки миллионов нуклеотидов «в сторону».

Что же касается снип-мутаций, то есть мутаций в одиночных (как правило) нуклеотидах Y-хромосомы, то они более подвержены неконтролируемым изменениям, в том числе, возможно, и окружающей среды. Только это не имеет никакого значения для ДНК-генеалогии. Предположим, поел древний человек грибок, или какого другого червячка, и у него произошла мутация аденина в гуанин в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 6 миллионов 906 тысяч 274. Ну и что? Скорее всего тот человек или помрет, или не оставит сыновей, или его сыновья не оставят сыновей, и так далее. В общем, с огромной вероятностью эта ДНК-линия пресечется по банальным статистическим причинам. А если с ничтожно малой вероятностью не пресечется, и будет продолжена до настоящего времени, то несколько миллионов, или десятков миллионов, или несколько сотен миллионов мужчин будут сейчас иметь эту гаплогруппу или снип как потомки того древнего человека. И никто никогда не узнает, отчего та первая мутация образовалась десятки тысяч

или тысячи лет назад. Другими словами, снип-мутации нерегулярны и «многопричинны». Заниматься причинами, которые вызвали ту или иную снип-мутацию в классификации снипов, может только тот, кому больше нечего делать.

Гостомысл говорит:

[22.08.2016 в 15:46](#)

### **Тема: балты**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, простите за дилетантский вопрос. Но очень интересен Ваш ответ. Еще раз простите за формат вопроса, но те, кому я задавал этот же вопрос, говорят, что только ученые могут расставить все точки над «и». Ваше мнение, мне кажется, должно быть очень важным. Вот переписка, которая недавно состоялась у меня на одном из религиозных сайтов иудаизма (простите, считаю, что лучшие знатоки библейской генеалогии – это евреи):

*«Уважаемый ребе, у меня вопрос по поводу моей национальности. Мой отец — русский и моя прямая отцовская линия до 6 колена — это русские. Все из Орловской области России. Уверен, что если проверять и дальше, там скорее всего будут одни русские. Многие сейчас делают генетические экспертизы, чтобы узнать свой род. Сейчас это очень популярно. Я также сделал экспертизу, которую проводила известная американская генетическая лаборатория FTDNA. Оказалось, что я принадлежу к древнему роду балтов, который образовался 3300-4600 л.н., а еще раньше, 5000 л.н. мои предки принадлежали к роду балтославян (некоторые ДНК-генеалогии их даже называют древние русы или древние славяне), которые проживали на Русской равнине. Вот генетическая аббревиатура моего рода – R1a-z280-z92-YP569. Ну это так, формальность, какое-то обозначение. Уважаемый ребе, так кто же я по национальности, к какому роду принадлежу? Энциклопедии говорят о том, что вклад балтов в этногенез русских значителен, но балты – это же не славяне. Или мой род, как и у многих русских – это именно балтославяне, которые жили на Русской равнине 5 тыс. л.н. ? Уважаемый ребе, так кто же я согласно генеалогических библейских канонів? Рискну предположить, что я могу быть русским балтского или балтославянского рода? Не знаю, какая Ваша точка зрения? Очень буду признателен за Ваш ответ. Спасибо. С уважением к Вам.*

*P.S. Одни из самых древних народов известных из исторических источников – это были амореи, египтяне, хетты, ассирийцы, финикийцы, шумеры, они также существовали 5000 л.н. Может быть родословия должны исчисляться с тех времен? Конечно, это не касается народа Израиля. Этот народ избрал и благословил Всевышний. Это, конечно же, не относится и к другим народам, прародителем которых является Авраам. Или, скажем, не может относиться к*

*тем же аммонитянам и моавитянам. Но это в порядке исключения. Можно попросить Вас сослаться на Святое Писание?»*

*Ответ: «К сожалению, не смогу ответить на Ваш вопрос, потому что в списке 70 народов, упомянутых в Торе, невозможно опознать ни балтов, ни славян. «Генеалогические законы» Торы касаются только принадлежности к евреям, она обязывает исполнение 613 заповедей, в отличие от всех остальных народов — и балтов, и славян, и варягов-скандинавов, и татар, которые обязаны соблюдать только 7 заповедей. Так что придется Вам принять точку зрения современной науки, которая утверждает, что самые близкие родственники славян — это балты, и скорее всего, у них есть общие предки».*

Анатолий Алексеевич, как бы Вы ответили на этот вопрос? И что это за риторика у господина Балановского по поводу того, что балтов именно ассимилировали славяне? При этом, как он пишет «в генофонде славян преобладает ассимилированный ими субстрат, в том числе и основная часть гаплогруппы R1a ведет не к славянским, а к ассимилированным славянами популяциям ... Ассимилированный субстрат мог быть представлен по преимуществу балтоязычными популяциями ». Как-то не политкорректно. Разве там были войны? Насколько я знаю, балты именно объединялись со славянами, а не были ассимилированы. Ассимиляция и объединение — это ведь разные понятия. А он пишет именно «ассимиляция». То есть плевок в сторону русских, имеющих балтское происхождение. Реально какой-то русофоб. Неужели в своей статье Балановский не мог написать вместо слова «ассимиляция» — «объединение»? С чего вдруг он написал «ассимиляция»? 15 ученых подписались под статьей об этногенезе балтов и славян, но плохо, что там совсем не учитывались археологические данные. Если бы брались во внимание труды того же весьма авторитетного в ученом мире В. Седова, то им было бы понятно — не было на территории Великороссии никакой ассимиляции балтов, было объединение. Это касается тех же кривичей, летго-литовских и прусско-вятвяжских племен. Как-то язык не поворачивается назвать тот же мирный договор, подписанный и утвержденный крестным целованием в 1147 г. видных вятичей (напомню, это был балто-славянский племенной союз) и славян ассимиляцией. Историк В.Н. Татищев отмечал, что не только посадники, но и значительная часть вятической «старшины» уже были приобщены к христианству. В непонятную игру играет товарищ Балановский. Знаете, как говорят, за свои слова отвечать надо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[22.08.2016 в 22:49](#)

>> ...простите за дилетантский вопрос... Вот переписка, которая недавно состоялась у меня на одном из религиозных сайтов иудаизма (простите, считаю, что лучшие знатоки библейской генеалогии — это евреи)...

Вопрос Ваш не дилетантский, он просто некорректный. И Ваш «постулат», что лучшие знатоки библейской генеалогии – это евреи – тоже неверен. Почему-то именно ко мне обращался Президент международной ассоциации коэнов (коханам) за разъяснениями в отношении генеалогии потомков Аарона. Почему-то мои разъяснения в отношении генеалогии евреев израильские евреи публикуют на своем сайте, например, [здесь](#), [здесь](#) или [здесь](#). Ответ прост – среди «профессиональных евреев» действительно есть знатоки библейской генеалогии, но круг их знаний ограничивается Торой и ее толкованиями, и всё, что выходит за эти пределы, им уже недоступно. Например, Президента ассоциации коэнов интересовал вопрос – как узнать, кто из современных «коэнов» настоящие, а кто нет? Иначе говоря, кто из них могут быть потомками Аарона, а кто нет? Пусть хотя бы в первом приближении. Ну, и что евреи, «знатоки библейской генеалогии» здесь могут ответить? Ровным счетом ничего. А ДНК-генеалогия на основании сипов и гаплотипов тут же распишет всех по ветвям, из чего тут же станет ясно, кто откуда, кто «ядро» и кто периферийные одиночки. И таких вопросов много, именно в отношении евреев, когда «знатоки библейской генеалогии» совершенно бессильны. Даже на такой важный для иудаизма вопрос, как кто такие хазары и как конкретные еврейские семейные линии попали в Европу, они ответить не могут. А Вы задаете раввину вопрос про гаплогруппу R1a-Z92, про славян и про балтов. Разумеется, он на этот вопрос не ответит, он и понятия не имеет. Иначе говоря, Вы обратились к нему не по адресу.

Теперь о некорректности Вашего основного вопроса. Ваша проблема, видимо, системная, в том, что Вы принимаете некие постулаты, и из них исходите. Например, что носители гаплогруппы R1a-Z92 – это «балты». Откуда Вы это взяли? А Вы это и раввину уже пишете, принимая за данность, и загоняя его в ступор. Вы же вопрос ему задаете, зачем же Вы ему сразу даете наводящий «ответ» про «балтов», который неверен, да еще сами себя опровергаете, что «балты – это не славяне». Откуда Вы такое определение взяли? Значит, поляки – это славяне, а литовцы, которые с поляками переплетены веками, а то и парой тысячелетий – это не славяне? Где Вы тогда проводите грань между «славянами» и «неславянами», а также «балтами»? Какое определение «славян» Вы берете? Лингвистическое? Территориальное? Историческое? Наследственное? Культурное? Религиозное? Если лингвистическое, то да, язык литовцев лингвисты не относят к славянской группе языков. Но это же не единственное определение славян, в разных контекстах оно может быть разным.

Да и зачем все это брать, загоняя себя в угол, когда Ваш вопрос по сути ничего этого не включает. Вы ведь хотите просто знать, кто такие R1a-Z92-YP569, не так ли? Тогда при чем здесь Ваш очередной некорректный

вопрос про национальность? Разве «балты» или «славяне» – это национальность? Поляки – славяне, и русские – славяне, а национальности разные, не так ли? Литовцы и латыши – балты, а национальности у них разные, одни латыши, другие – литовцы. Перебрался носитель субклада YP569 в Испанию триста лет назад – он сейчас уже испанец. Дезертировал из русской армии, когда она преследовала войска Наполеона во Франции, и таких было, как известно, множество, сейчас уже давно француз, со своей R1a-Z92. Живет он сейчас в Орловской области – русский. Шесть поколений в Орловской области, как у Вашей линии – это всего лишь первая половина 19-го века, а раньше? То, что в Орловской области, на юге, оказались потомки северо-евразийской ветви Z92, уже показывает, что более далекие предки скорее всего перебрались из более северных краев. Посмотрим, кто такие по современной национальности носители субклада R1a-Z92-Y4459, нижестоящим сніпом которого является YP569. Это на 52% Россия, на 8% Украина, на 8% Польша, на 8% Литва, на 6% Белоруссия, на 6% Финляндия, на 4% Англия, на 2% Германия, это уже в сумме 94% от всех. Остальные – единичные гаплотипы из других европейских стран. Вот и выбирайте.

Как видите, «национальности» гаплогрупп и субкладов нет. В этом – основная, и принципиальная ошибка Вашего вопроса. На вопрос о балтах отвечу в следующем комментарии.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[22.08.2016 в 22:53](#)

*>> Я ... сделал экспертизу, которую проводила известная американская генетическая лаборатория FTDNA. Оказалось, что я принадлежу (R1a-Z92-YP569) к древнему роду балтов, который образовался 3300-4600 л.н., а еще раньше, 5000 л.н. мои предки принадлежали к роду балтославян...*

Какой «древний род балтов», который якобы образовался «3300-4600 лет назад»? Какие «балтославяне» 5000 лет назад? Откуда это Вы списали, не сами же ведь придумали? Давайте коротко разберемся. «Балтский язык», по бесконечной мудрости лингвистов, это язык, если разгребать их замысловатые завалы, на котором говорили насельники археологической культуры шнуровой керамики (5200-4300 лет назад, основная гаплогруппа R1a-Z280), и затем фатьяновской культуры на Русской равнине (4300-3500 лет назад, основная гаплогруппа R1a-Z280). Буквально за несколько веков до того субклад R1a-Z280 разошелся с субкладом R1a-Z93, общий предок которых, субклад R1a-Z645, жил примерно 5500 лет назад. По данным тех же лингвистов, в те же времена, примерно 5500 лет назад, «протоиндоевропейский», он же «индоевропейский», он же арийский язык стал расходиться на ветви, что полностью согласуется с данными ДНК-генеалогии.

Если это переводить на нормальный язык, то язык ариев гаплогруппы R1a-Z645 стал расходиться на языки культуры шнуровой керамики (и далее фатьяновской культуры) и языки степных ариев, и несколько столетий спустя он, конечно, оставался практически таким же. Выходит, «балтский язык» КШК это и есть арийский язык. Видимо, опять только чтобы слово «арии» не упоминать. Более того, само понятие «балтский язык» называют «кабинетным термином», оно придумано в 19-м веке, Георгом Нессельманом, профессором университета в Восточной Пруссии, для замены термина летто-литовцы. Но летто-литовцы – ветвь предков современных литовцев и латышей, жили уже в нашей эре, как они оказались «древними балтами», тысячелетия назад? Это какая-то несуразность – взяли придуманный термин, имевший определенный смысл и относящийся к относительно недавнему времени, и расширили его на тысячелетия назад, «охватив» всех, кто тогда жил на огромной территории. Пусть все они будут «балтами».

Но тогда где в этой схеме балты, как их определяют современная история и лингвистика, если фатьяновская культура, как указывалось выше, располагалась в средней полосе нынешней России, на Верхней и Средней Волге, и протягивалась с территориями современных Белоруссии и Литвы до современных Чувашии и Татарстана? Балты, по принятым определениям историков и лингвистов, населяли территории от Польши и Литвы с Латвией через Белоруссию, Витебскую, Могилевскую, Смоленскую, Тверскую, Брянскую, Псковскую, Московскую, Тульскую и Калужскую области до Орловской и Курской областей. Какие же там балты, если исходить не из искусственной терминологии, а из фактического материала о людях, которые там жили тысячелетия назад? При этом балты, по соображениям историков, еще 10 тысяч лет назад якобы жили на Волге (мощинская культура), 7 тысяч лет назад – в верховьях Днепра и Оки (днепро-двинская культура), и около 4500 лет назад балты начали заселять побережье Балтийского моря. Нетрудно видеть, что «балты» практически полностью накладываются на территории фатьяновской культуры, и жили на большей части Европейской части России и Белоруссии, начиная якобы с 10 тысяч лет назад. Но здесь многое не сходится не только с дублированием территории фатьяновской культуры, согласно чему балты должны иметь гаплогруппу R1a, причем в значительной части. Поскольку утверждается, что литовцы и латыши – тоже балты, то надо знать, что и те, и другие на 40% R1a, и на те же 40% – N1c1. Остальные 20% у каждой из этих народностей состоят из десятка минорных по численности гаплогрупп, и их пока можно не рассматривать. А мощинская культура, оказывается, это археологическая культура, существовавшая в IV-VII веках нашей эры (!) на территории Калужской, Орловской и Тульской областей. Вовсе не «10 тысяч лет назад».

Но кто же тогда «балты», если носители гаплогруппы N1c1 появились на Балтике всего 2500 лет назад, в середине I тыс. до н.э., и покинули Урал в своем неторопливом движении на запад примерно 4000 лет назад? Кто же тогда были «балты» во времена фатьяновской культуры, когда носителей N1c1 тогда на тех территориях не было, если не считать возможных единичных вариантов? Получается, что в основном, или только, носители R1a, арии. Какие же это «балты»? А кто были «балты» 10 тыс лет назад? Тогда на тех территориях не было ни R1a, ни N1c1. Можно только предполагать, что это могли быть носители гаплогрупп I и/или G, но их сейчас практически нет у литовцев и латышей. Да и само название «балты» для насельников Днепра и Оки звучит странно, как и для древних территорий современных Орловской и Курской областей.

Похоже, что термин «балты» действительно «кабинетный», как сообщают энциклопедии. Получается, что в это понятие, «балты», сваливается все то, что не укладывается в другие классификации. Но если «балты» – это просто носители гаплогруппы R1a, во всяком случае начиная с 4500 лет назад, когда арии стали заселять Русскую равнину, то понятие «балтов» является для тех времен излишним. Это арии, это фатьяновцы, это носители гаплогруппы R1a.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[22.08.2016 в 22:56](#)

*>> И что это за риторика у господина Балановского по поводу того, что балтов именно ассимилировали славяне? При этом, как он пишет «в генофонде славян преобладает ассимилированный ими субстрат, в том числе и основная часть гаплогруппы R1a ведет не к славянским, а к ассимилированным славянами популяциям ... Ассимилированный субстрат мог быть представлен по преимуществу балтоязычными популяциями».*

Как я неоднократно отмечал на Переформате и в книгах, Балановского к науке вообще подпускать нельзя, на пушечный выстрел. Во-первых, он понятия не имеет, о чем пишет. Во-вторых, он попугайски повторяет то, что вычитал у историков и лингвистов, которые тоже пишут «по понятиям», причем понятиям идеологическим, русофобским, и кроме этого ни на чем не основанным. Это всё по стилю и направленности продолжение «норманнской теории», согласно которой славяне (и русские, как следствие) живут на землях, которые им по историческому праву не принадлежат. А попугайничает Балановский потому, что ему нужно показать тем историкам и лингвистам, что его «наука» якобы подтверждает выводы «настоящей науки». Я уже задавал ему вопрос, какие же «популяции гаплогруппы R1a» «ассимилировали славяне»? Да еще так «ассимилировали», что основная часть гаплогруппы R1a у славян, оказывается, идет от тех «популяций»? То есть это половина всех славян? И какие же это субклады, которых «ассимилировали», интересно



знать? Балановский, конечно, не ответил. Поэтому он и струсил вести со мной дискуссию в прямой телепередаче, которую ему предложил телеведущий. Он знал, что от него и мокрого места не останется.

Давайте, в продолжение предыдущего комментария, посмотрим, что там за «ассимиляция» была у балтов. Если в формулировке понятия «балты» отгалкиваться от современных литовцев и латышей, у которых поровну (см. ниже) гаплогрупп R1a и N1c1, то приходится заключить, что «балты» образовались при слиянии этих двух гаплогрупп примерно в середине I тыс. до н.э., при этом не было никакой «ассимиляции» последних, и носители N1c1 приняли язык ариев, которые жили на Балтике уже две тысячи лет до прибытия новичков. Они приняли язык ариев или при прибытии на Балтику, или, скорее, в ходе своего миграционного пути с Урала до Балтики.

Но тогда зависит вопрос о «выделении славян из балтов», да еще более трех тысяч лет назад, как нам рассказывают лингвисты. Диаграмму лингвистов (на примере диаграммы Грея и Аткинсона, которая не раз обсуждалась на Переформате) приходится трактовать так, что примерно 3400 лет назад произошло разделение славян и «балтов», что вообще лишено смысла. Как могут разделиться гаплогруппы R1a и N1c1, когда в те времена последних на Балтике не было, и они появятся только через тысячу лет? Так вот, если это перефразировать, то оно сводится к тому – на каком основании введено это понятие «балтов», и кто такие все-таки «балты», кроме того, что они R1a, которые уже имеют другие названия древних культур? Об этом скоро будет статья на Переформате, в продолжение серии статей про миграции ариев.

Если же «балты» – это культура шнуровой керамики и последующая фатьяновская культура, то это вовсе не балты, и гаплогруппы N1c1, присущей в последнее тысячелетие литовцам и латышам, в тех культурах не было. А поскольку «балты» – это лингвистический термин, то он, получается, к популяциям, народностям, этносам вообще не имеет отношения. Да и к их языкам тоже. Называть «балтами» носителей R1a на территориях современных Смоленской, Московской, Тульской, Калужской и Курской областей так же бессмысленно, такой же недопустимый сленг, как называть «иранцами» древних жителей на Днестре или в синташтинской культуре, как делают лингвисты и подражающие им историки. Впрочем, пусть называют как хотят, но в ДНК-генеалогии этого нет. Это тем более бессмысленно, если называть «балтами» также литовцев и латышей, у которых равные соотношения гаплогрупп R1a и N1c1. Либо литовцы и латыши балты (по одним критериям), либо насельники фатьяновской культуры (по другим критериям), поскольку гаплогруппы N1c1 у последних не было – или не было практически, или вообще не было.



В то же время сообщается, что современными балтами являются литовцы и латыши, они же восточные балты, и в то же время постоянно повторяемым положением является то, что к 8-му веку н.э. «произошла полная ассимиляция восточных балтов славянами». Поскольку литовцы и латыши вряд ли могут быть отнесены к западным балтам (последних традиционно относят к территориям от южной границы Ютландии до Вислы на востоке, на территории современной Польши), поэтому речь, видимо, об ассимиляции славянами предков литовцев и латышей, а славяне в Прибалтике (балтийские славяне) – в подавляющем большинстве имеют гаплогруппу R1a. Вообще то, что славяне всех ассимилировали – любимое место многих историков и лингвистов.

Но достаточно посмотреть на состав литовцев и латышей по гаплогруппам, чтобы увидеть, что никакой ассимиляции их не было. [По данным Eupedia](#) у литовцев 38% R1a и 42% N1c1, у латышей 40% R1a и 38% N1c1, то есть у тех и других поровну R1a и N1c1. Остальные 20% разделились по десятку минорных по количеству гаплогрупп. Их тоже, как видно, не «ассимилировали». Анализ гаплотипов показывает, что носители N1c1 вышли с Урала примерно 4000 лет назад, и прибыли на Балтику двумя разными миграционными «потоками» (которые в то время могли быть совсем малыми) – на Южную Балтику, где сейчас живут литовцы и латыши, они прибыли в середине I тыс. до н.э., и на территорию современной Финляндии другая группа прибыла в начале или в середине I тыс. н.э. Эти группы разделились еще задолго до прибытия, не менее, чем за тысячу лет, о чем говорят стабильные различия в их субкладах и гаплотипах, особенно протяженных (Клёсов А.А. Происхождение славян. ДНК-генеалогия против «норманнской теории». Алгоритм, М., 512 стр., 2013), причем «финская» группа сохранила свой исходный финно-угорский язык, а «южно-балтийская» группа перешла на индоевропейский язык, видимо, приняв его от автохтонных славян. Так что речь может идти только о «языковой ассимиляции», но никак не о генетической ассимиляции, при которой носители гаплогруппы N1c1 были бы практически полностью уничтожены, или вытеснены из генетического пула, что фактически то же самое. Мы видим, что это не так, и прибывшие племена (или племя) имели гаплогруппу N1c1, объединившись со славянами гаплогруппы R1a, поделили с ними поровну и гаплогруппы. Какая же это «ассимиляция»? Это – содружество.

Вот это и есть балты, то есть содружество славян и угров, перешедшие на индоевропейские языки (в настоящее время литовский и латышский). Но тогда что это были за «балты», которые по соображениям историков и лингвистов еще многие тысячелетия назад занимали практически всю Восточно-Европейскую равнину? По описанию выше это не были «балты», предки современных балтов, литовцев и латышей. Это были какие-то фантомные «балты», которые занимали в числе прочих и

территорию фатьяновской культуры, возможно, и культуру шнуровой керамики, и вообще практически весь регион гаплогруппы R1a-Z280. Может, это «балты» и были, по представлениям историков и лингвистов?

Резюмируя – это дело лингвистов, называть что они хотят и как хотят, пусть это местами выглядит полным абсурдом. Супружескую регистрацию тоже «браком» назвали, и ничего, живем. Но это как был бюрократический термин, так и остался. Нормальные люди говорят «супружество», «женильба», «замужество». Так и с «балтским» языком – как его назвали, так он и поплыл. Назвали «балтским» летто-литовский язык, который, согласно словарю Брокгауза и Ефрона, относился к части литовцев, которые жили по нижнему течению Немана, и к части латышей, живших в Лифляндии и Курляндии, и колониями встречающихся в сопряженных губерниях. Вот и все балты, и то по языку.

Вы совершенно правы, что балто-славянский племенной союз и соответствующий договор 1147 года был политическим актом, а вовсе не генеалогическим, и никакой «ассимиляции» он не знаменовал. Иначе пришлось бы Балановскому и иже с ним признать, что «ассимиляция» началось только в 12-м веке, но когда в результате литовцы и латыши имеют поровну гаплогрупп R1a и N1c1, то какая же это «ассимиляция»? А если посмотреть в сторону эстонцев, которые в число «балтов» не входят по языковым причинам, то у них гаплогрупп R1a и N1c1 тоже поровну (32% и 34%, соответственно, у них по сравнению с другими увеличенное содержание гаплогруппы I1, 15%), и где же там «ассимиляция»? Напомню, что это этнические эстонцы, как и латыши с литовцами, в их число современное русскоязычное население этих стран не входит, только те, для кого местный язык родной, и предки жили на той же территории поколениями. И потом что за «ассимиляция» такая, если эстонские R1a говорят по-эстонски и считают себя эстонцами?

>> *В непонятную игру играет товарищ Балановский...*

Да уж чего там непонятного. Своими слабыми силенками он старается играть на разрыв России и славянского мира, пытаясь придать этому разрыву «научный» статус, и усиливая этим статусом свои силенки. Потому его и корежит от слов «научный патриотизм», потому для него изучение истории славян – это все равно, что изучать труды Геббельса, что это «фашизм», как он объявил с трибуны конференции в РАН, потому по сути фальсифицированные им с Балановской карты «генофонда» Украины стали настольными для украинских националистов, потому что согласно этим картам Украина резко отличается от России, хотя сейчас Балановские от этих карт отреклись. У Балановского что ни статья – позор для РАН, позор для института генетики, позор для его лаборатории, начиная от

неряшливости и ошибок в подаче материала, и заканчивая его псевдо-толкованиями.

>> *Одни из самых древних народов известных из исторических источников – это были амореи, египтяне, хетты, ассирийцы, финикийцы, шумеры, они также существовали 5000 л.н. Может быть родословия должны исчисляться с тех времен? Конечно, это не касается народа Израиля. Этот народ избрал и благословил Всевышний.*

В отношении того, что народ Израиля избрал и благословил Всевышний – я как-то в этом не уверен. Может, потому, что я там тогда не присутствовал, приходится просто читать слова тех, кто говорят, что их избрали. При этом вспоминается старый анекдот, как врач выслушивает слова пациента, что его сосед сохранил полную потенцию в 95 лет, и пациент тоже хочет такое же, и врач спрашивает его – а откуда вы это знаете? – «Он говорит». – «Ну, так и вы говорите». Вот так и Вы говорите, что род R1a-Z92-YP569 избрал и благословил Всевышний. И другим рассказывайте.

*Ростислав* говорит:

[23.08.2016 в 11:10](#)

**Тема: фатьяновцы**

Субклад R1a-Z92 образовался 4600 л.н., а фатьяновская культура возникла 4300 л.н. То есть представители R1a-Z92 отделились от основной гаплогруппы R1a-Z280 намного раньше, чем возникла фатьяновская культура древних русов. Почему тогда R1a-Z92 называют фатьяновцами? По сути, это же были разные племена R1a-Z280 и R1a-Z280-Z92.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.08.2016 в 16:59](#)

К сожалению, Ваш критический комментарий является набором неверных – по сути – фраз. Пожалуйста, запомните, что нет точных датировок ни в археологии, ни в ДНК-генеалогии, но весь Ваш комментарий строится на якобы точных временах. Это – распространенная ошибка дилетантов, но ошибка принципиальная. Особенно когда она по незнанию сопровождается «критикой». Хотя точных датировок в указанных науках нет, но ценность их положений и выводов не в точности (хотя к ней надо стремиться), а в концептуальных результатах. Они шаг за шагом добавляют крупницы нового знания в картину нашего познания мира, его истории. Зачастую эти крупницы пересматриваются, ревизуются, в картине появляются очередные

подвижки, новые крупницы знания, и эта подвижная картина и отражает прогресс науки на данном направлении. Наконец, Ваша «критика» по сути неконструктивна. Ну и что Вы ей хотели сказать? Ну, были в составе R1a-Z280 разные племена, и странно было бы полагать, что их не было. Что дальше? Какую новую, измененную, модифицированную миграционную картину Вы предлагаете? Да никакую, просто так. Теперь по частям.

>> *Субклад R1a-Z92 образовался 4600 л.н.*

Нет такой «точной» даты, и быть не может. По геномным данным рассчитано (группа YFull), что датировка образования снипа Z92 составляет  $4700 \pm 500$  лет назад, но если взять выборку из 35 современных обладателей снипа Z92, то опять же по геномным данным получается, что их снип Z92 образовался в среднем 3926 лет назад, если приводить результат расчетов без округлений и без погрешностей. После того, как почти половина данных была отброшена по соображениям расчетчиков, авторы пришли к заключению, что эта средняя датировка снипа Z92 в Y-хромосомах 35 наших современников равна  $4300 \pm 700$  лет назад. По мутациям в гаплотипах расчет времени общего предка субклада Z92 дал  $4600 \pm 400$  лет назад. Подробнее это показано в приложении к моему комментарию, см. ниже. Теперь Вы понимаете, что Ваша категоричная, точная датировка – это неверно? Там – поле между примерно 4800 и 4000 лет назад.

>> *а фатьяновская культура возникла 4300 л.н.*

Нет такой точной датировки. Литература обычно дает датировку фатьяновской культуры «между второй половиной III – серединой II тыс. до н.э.», то есть примерно между 4500 и 3500 лет назад. Иногда «не позднее 18-го века до н.э.», то есть древнее 3800 лет назад. Но поскольку снизу (то есть от древности) фатьяновскую культуру подпирает культура шнуровой керамики (КШК), которую обычно датируют 3200-2300 лет до н.э., то можно условно принять для фатьяновской культуры датировку между 4300 и 3800 лет назад. Но это именно условно, так как датировки культур накладываются, пересекаются, и возможностей точной датировки в археологии вообще практически нет. По сути, КШК (предположительно R1a-Z283-Z282-Z280) прошла с запада на восток между 4800 и 4000 лет назад, и где-то на этом пути она постепенно, в ходе столетий, перешла в фатьяновскую культуру (предположительно Z280).

>> *То есть представители R1a-Z92 отделились от основной гаплогруппы R1a-Z280 намного раньше, чем возникла фатьяновская культура древних русов.*

Как видите, это утверждение не имеет никакой определенной основы. Как объяснено выше, и показано на цифрах ниже, геномные данные дали для Z92 датировку между 4320 и 3550 лет назад, датировка по

гаплотипам – между 4800 и 4000 лет назад, и фатьяновская культура возникла между 4800 и 4000 лет назад. Иначе говоря, с хорошей вероятностью снип R1a-Z280-Z92 (северо-евразийская ветвь) вполне мог образоваться в фатьяновской культуре, ожидаемо R1a-Z280. Как там же могли образоваться и снипы Z280-CTS1211 (карпатская ветвь), и Z280-S24902 (центрально-евразийская ветвь). Впрочем, снип Z92 мог образоваться в ходе миграции потомков фатьяновской культуры. Но что это меняет?

>> Почему тогда R1a-Z92 называют фатьяновцами?

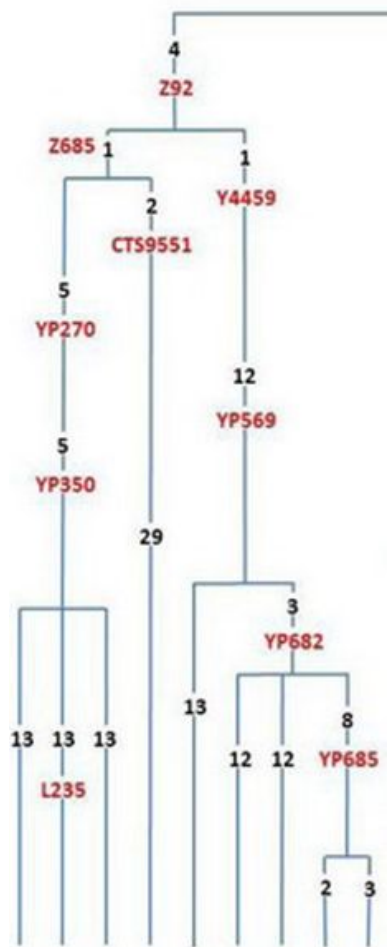
Вообще-то положено при таких высказываниях приводить ссылку. Кто называет? Если фатьяновцы – это носители гаплогруппы R1a-Z280, то фатьяновцами можно назвать и Z92, и CTS1211, и S24902, и ряд других. Но только после того, как доказать их происхождение из фатьяновской культуры. Пока это вероятно, но не доказано.

>> По сути, это же были разные племена R1a-Z280 и R1a-Z280-Z92.

Первое включает второе. Написать так – это как примерно «они были разные, первые – русские, вторые – из Пензы». В составе R1a-Z280 определенно было много разных племен, которые различались по субкладам или территориям, но если племя формировалось многими поколениями, то наверняка и по территориям, и по субкладам. Ничего удивительно здесь нет. Как и в том, что племена Z92 включали носителей Z280\*, как и все прочие племена нисходящих субкладов гаплогруппы Z280.

**Теперь обещанное приложение.** Оно покажет, какими условностями являются «точные» датировки, определенные (геномными методами) по снипам. Методология такова – берется выборка из нескольких десятков человек, носителей определенного снипа (если нескольких десятков не набирается, то несколько человек), например, снипа R1a-Z280-Z92, у которых имеются еще и нисходящие снипы (в данном случае Z92-Y4459 и Z92-Z685, см. диаграмму ниже), и подсчитывается, сколько снипов имеется в цепочке от снипа Y4459 и сколько от снипа Z685 до настоящего времени. При этом постулируется, что поскольку снипы «параллельны», то они образовались в одно и то же время. На самом деле это, конечно, вовсе не обязательно, потому что образование каждого из этих снипов – это совершенно независимый случай. В одном случае у носителя Z92 произошла мутация в нуклеотиде Y-хромосомы под номером 21 миллион 331 тысяча 655, она привела к превращению цитозина в тимин, и это ознаменовало начало образования субклада Y4459. Разумеется, мутация, которая привела к образованию другого субклада, Z645, была совершенно независимой, произошла в другое время и без всякой координации с образованием субклада Y4459. Более того, у носителей Z92 наверняка произошли десятки, сотни и тысячи других необратимых

мутаций, которые не получили развития в потомстве, и пресеклись. Поэтому постулировать образование двух субкладов в одно и то же время нет никакого резона. Вероятность этого должна быть ничтожной.



*Диаграмма сипов, ведущих к субкладу R1a-Z280-Z92. Числа – количество «второстепенных» сипов между «узловыми» сипами. Диаграмма предварительная, к настоящему времени, видимо, устаревшая, и имеет только иллюстративный характер.*

Продолжим рассмотрение. Итак, для расчета времени образования сипа Z92 была взята выборка из 21 носителя сипа Z92-Y4459, и 14 носителей сипа Z92-Z645, и посчитано количество сипов в соответствующих фрагментах их Y-хромосомы, которые образуют цепочку от указанных сипов до настоящего времени. Это количество сипов в цепочке, ведущей от Y4459, оказалось равно (у каждого из 21 человек) 18, 21, 20, 22, и так далее, как показано в таблице ниже. Эта таблица взята с сайта YFull, и относится к расчету времени образования

снипа Z92 по геномным данным выборки носителей снипов Z92-Y4459. В ней показаны данные для 14 человек из всей выборки (их индексы приведены в первой колонке), остальное – на сайте Yfull:

TMRCAs		SNPs	STRs	Formula: (3533+4320)/2			
BRANCH ID	SAMPLE ID	NUMBER OF SNPS	COVERAGE (BP)	FORMULA TO CORRECT SNPS NUMBER	CORRECTED NUMBER OF SNPS	FORMULA TO ESTIMATE AGE	AGE BY THIS LINE ONLY
R-Y4459					24.05	24.05*144.41+60	3533
	YF02812	18.0	7952360	18.0/7952360*8467165	19.17	19.17*144.41+60	2828
	YF05213	21.0	8187487	21.0/8187487*8467165	21.72	21.72*144.41+60	3196
	YF01982	20.0	7656258	20.0/7656258*8467165	22.12	22.12*144.41+60	3254
	YF06093	22.0	7955154	22.0/7955154*8467165	23.42	23.42*144.41+60	3441
	YF04740	22.0	7660685	22.0/7660685*8467165	24.32	24.32*144.41+60	3571
	YF02433	24.0	7959653	24.0/7959653*8467165	25.53	25.53*144.41+60	3747
	YF05150	25.0	7968389	25.0/7968389*8467165	26.56	26.56*144.41+60	3896
	YF04816	24.0	8119647	24.0/8119647*8467165	25.03	25.03*144.41+60	3674
	YF02028	19.0	7744369	19.0/7744369*8467165	20.77	20.77*144.41+60	3060
	YF01910	23.0	7748827	23.0/7748827*8467165	25.13	25.13*144.41+60	3689
	YF02791	26.0	8233998	26.0/8233998*8467165	26.74	26.74*144.41+60	3921
	YF05999	25.0	7657226	25.0/7657226*8467165	27.64	27.64*144.41+60	4052
	YF05011	26.0	7912944	26.0/7912944*8467165	27.82	27.82*144.41+60	4078
	YF05299	21.0	7822756	21.0/7822756*8467165	22.73	22.73*144.41+60	3342

Мы видим, что разброс в числе снипов довольно значительный (числа показаны во второй колонке), между 18 и 26, и в семи последующих строках, не вошедших в снапшот, имеются 17 и 28 снипов. Разброс на первый взгляд объясняется тем, что у каждого человека из выборки протяженность фрагмента Y-хромосомы, в котором считали снипы, отличалась от протяженности аналогичного фрагмента для другого человека. Величины этих фрагментов, в числах нуклеотидов, показаны в третьей колонке. Поэтому числа снипов пересчитывались пропорционально (то есть нормировались) под «стандартный фрагмент» размером 8467165 нуклеотидов. Конечно, такая точность может вызвать ироническую усмешку, но что нам показывают, то и берем. Нормированное, «стандартизованное» число снипов показано в следующей колонке. Как видно, поправка увеличила каждое число снипов на 1-2, так что исправленные числа все равно различаются для разных человек в выборке, что опять не удивительно, снипы образуются неупорядоченно, статистически. Точности здесь быть не может. Здесь для 14 человек снипы варьируются от 19 до 28, для всех 21 человек – от 18 до 30, в 1.7 раза. Предпоследняя колонка показывает, как число снипов превращали в число лет. Для этого число снипов в каждом случае умножали на 144.41 и прибавляли 60, потому что группа YFull решила, что средний возраст тех, кто заказывает определение геномного анализа – 60 лет. Полученный набор датировок для каждого человека приведен в



последней колонке, и выше показано, что средний возраст снипа Z92 по этой серии из 21 человек равен 3533 лет. Погрешность здесь не приведена, но любой желающий может сам рассчитать. Мало не покажется, но лучшего нет.

Та же процедура проведена для выборки из 14 человек со снипом Z92-Z645. Среднее число снипов после нормирования оказалось не 24, как было бы при равенстве возраста «параллельных» снипов, а 29.5, но при среднем квадратичном отклонении  $29.5 \pm 3.7$  (которое YFull не указывают) разница может оказаться в пределах погрешности расчетов. Возраст снипа Z92 оказался 4320 лет, что заметно выше возраста 3533 года, рассчитанного по другому нижестоящему снипу.

R-Z685				29.5	29.5*144.41+60	4320
YF05550	28.0	7877077	28.0/7877077*8467165	30.1	30.1*144.41+60	4406
YF01491	24.0	7514136	24.0/7514136*8467165	27.04	27.04*144.41+60	3965
YF04329	24.0	7731565	24.0/7731565*8467165	26.28	26.28*144.41+60	3855
YF01916	22.0	7289132	22.0/7289132*8467165	25.56	25.56*144.41+60	3750
YF06344	34.0	7980421	34.0/7980421*8467165	36.07	36.07*144.41+60	5269
YF06438	32.0	8191132	32.0/8191132*8467165	33.08	33.08*144.41+60	4837
YF02598	23.0	7817491	23.0/7817491*8467165	24.91	24.91*144.41+60	3657
YF02240	27.0	7242544	27.0/7242544*8467165	31.57	31.57*144.41+60	4618
YF03553	29.0	7928863	29.0/7928863*8467165	30.97	30.97*144.41+60	4532
YF04072	22.0	8015272	22.0/8015272*8467165	23.24	23.24*144.41+60	3416
YF03937	31.0	7638200	31.0/7638200*8467165	34.36	34.36*144.41+60	5022
YF03160	28.0	7956688	28.0/7956688*8467165	29.8	29.8*144.41+60	4363
YF04195	26.0	7134045	26.0/7134045*8467165	30.86	30.86*144.41+60	4516
YF02908	27.0	7846245	27.0/7846245*8467165	29.14	29.14*144.41+60	4268

NOTE: Age estimation has been taken from downstream subclade R-Z685, its age estimation is more (4300 > 3926)

Группа YFull усредняет эти две величины, как показано на желтой полосе в предыдущей таблице, и получает возраст Z92 в 3926 лет. Но поскольку возраст по одной серии расчетов оказывается 4320 лет, и разницей слишком велик, то эта, большая величина, и принимается за возраст Z92, как указано мелким шрифтом под нижней таблицей. В основной таблице группа YFull показывает окончательную величину для возраста Z92:  $4300 \pm 700$  лет.

Я воспроизвожу здесь эти расчеты столь подробно вовсе не для того, чтобы критиковать YFull, напротив, я их действительность ценю очень высоко. Но я показываю реальную надежность их данных, чтобы дать возможность читателю самому понять, насколько эти данные «точные». Они скорее «концептуальные», что очень важно для решения принципиальных вопросов истории древних популяций и их передвижений. Но категорично писать «*субклад R1a-Z92 образовался 4600 л.н.*», и на этой категоричности «строить критику», это, конечно, только показывать непонимание реалий.



*Ростислав* говорит:

[25.08.2016 в 18:58](#)

Спасибо большое за ответ, Анатолий Алексеевич. Согласен с Вами.

*Сергей Муливанов* говорит:

[03.09.2016 в 01:10](#)

**Тема: якуты и Прибалтика**

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич. Прошу помощи в решении одной задачи. Начну немного из далека. Сам я из Латвии, и в 90-х пару лет работал в Якутии, где обратил внимание, что некоторые похожие слова есть и в латышском, и в якутском языке. Ну, похожие и похожие – в те времена даже особо не придавал этому значения. Пару лет назад наткнулся на книжку Галины Шуке “Были ли латыши тюрками?”. Начал анализировать и нашёл забавное соотношение: самоназвание одной из народностей южной Эстонии “Сакала”, а самоназвание якутов “Сакалар” [sakhalar] ([kh] – одним звуком с придыханием и [r] почти не слышно). Сами латыши называют всех эстонцев “игауни”, при этом на латгальском (язык восточной Латвии) слово “igganni” означает – изгнанники. Могу только предположить, что не очень мирно они с ними в то время “соседились”. Вроде как эстонцы финно-угры, да только вот тюркских топонимов тут много, значит, был кто-то N1c, но тюркоговорящий. В интернете пишут, что общий предок у всех якутов был 1300 лет назад. Сам я в расчётах не силён, а вопрос меня мучает. Не встречались ли Вам среди прибалтийских данных по N1c прямые родственники якутов или те, кто мог бы быть с ними в совсем ближайшем родстве? Уж очень хочется понять, когда эти ребята в Прибалтику пришли, неужели в конце первого тысячелетия?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

[08.09.2016 в 05:15](#)

>> *обратил внимание, что некоторые похожие слова есть и в латышском, и в якутском языке.*

Уважаемый Сергей, в Вашем вопросе есть несколько подвопросов, но все они сводятся, на мой взгляд, к одному «знаменателю». 40% латышей относятся к гаплогруппе N1c1, и к ней же относится большинство якутов. Иначе говоря, почти половина латышей – прямые родственники якутов, несмотря на то, что между ними – много тысяч лет. Поэтому нет

ничего удивительного, что многие слова (даже не «некоторые») просто обязаны быть похожими у латышей и якутов. Например, при расхождении общих предков 3600 лет назад в списке базовых слов обеих народностей в 100-словнике совпадают 28% слов. Эти расчеты – для современного русского и современного персидского языка, что концептуально совпадает с датировкой расхождения будущих русских и будущих персов в ходе арийских миграций. Эти расчеты сделаны С.А. Старостинным в его работе «Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатистика». Если приложить ту же формулу к расхождению языков, которые в будущем стали якутским и латышским, то получится, что при расхождении их примерно 6250 лет назад в языках останется примерно 2% общих слов. Это же относится и к эстонцам, их исторический путь примерно тот же, что у латышей и литовцев.

Фраза «Были ли латыши тюрками», конечно, некорректна. Да, якуты – тюрки по языку, но они не латыши. Когда предки латышей были тюрками (и то не всех латышей, а примерно 40% от них), они не были латышами. Как и предки русских 20 тысяч лет назад не были русскими. Эти залихватские названия книг далеки от науки.

>> В интернете пишут, что общий предок у всех якутов был 1300 лет назад.

Да, это наши расчеты с Д. Адамовым, которые были опубликованы в Вестнике Академии ДНК-генеалогии еще в 2008 г. Но это общий предок выживших якутов, прошедших «бутылочное горлышко популяции». Общий предок субклада N1c1 жил примерно 15 тысяч лет назад. На самом деле общий предок якутов (или как их там называть в древности) жил не менее 8-10 тысяч лет назад, но почти все вымерли, выжившего потомства не дали, и в итоге только 1300±200 лет назад жил общий предок современных якутов, потомство которого выжило до настоящего времени. Общие предки современных латышей и литовцев пришли в Прибалтику в середине I тыс. до н.э. Видимо, тогда же (или несколько позже) туда же пришли общие предки современных эстонцев.

*Марина* говорит:

[04.09.2016 в 12:36](#)

**Тема: Вестник Академии ДНК-генеалогии**

Сообщите пожалуйста, где и по какой цене можно купить Вестники Академии ДНК-генеалогии? Как печатные издания. Например, все четыре за этот год.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.09.2016 в 17:19](#)

Очень просто. В поисковой системе (например, Google) набираете Lulu, и через Lulu Publishing выходите на <http://www.lulu.com/home>. Там или кликаете на Shop, или сразу вводите в окошке Klyosov, или Klyosov 2016. В последнем случае сразу появляются [четыре последних Вестника](#). Магазин Lulu продает их по 10 долларов. А дальше входите в Cart, и как обычно при сетевых покупках, оплачиваете по соответствующей кредитной карте, из списка, которые принимаются Lulu, вводите адрес присылки и оплачиваете почтовые расходы. Я сам покупаю Вестники уже более восьми лет, и сбоев никогда не было. Обычно они высылают уже через 3-7 дней, а дальше – время на фактическую пересылку.

*Андрей* говорит:

[06.09.2016 в 11:03](#)

**Тема: славяне и тюрки**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, я веду блог, посвященный будущему России. Дело в том, что существуют люди (и нельзя сказать, что они маргиналы), утверждающие, будто ни русского народа, ни тюркских народов нет, а есть единый славяно-тюркский народ. Есть ли под их заявлениями некая реальная генетическая основа? И где об этом можно почитать?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.09.2016 в 17:21](#)

Уважаемый Андрей, если коротко – то ответ на Ваш вопрос зависит от определения того, что такое «народ». Как насчет «советского народа», и что об этом говорит генетика? Да ничего не говорит, потому что для генетики вопрос поставлен некорректно. «Советский народ» – это социально-политическое образование, а не генетическое. То же самое и с «славяно-тюркским народом», в генетическом отношении это нонсенс, а в социально-политическом – почему нет? Например, если рассматривать совместно русских, карачаево-балкарцев, татар и чувашей, но генетика там уже не при чем.

Теперь по сути. Славяне к тюркам вообще не имеют отношения, это разные ДНК-генеалогии, разные языки, разные религии, разные культуры. У них есть одна общая гаплогруппа, R1a, но разные субклады, у славян R1a-Z280 и R1a-M458, у тюркских народов – R1a-Z93. Их общий предок жил 5500 лет назад, и с тех пор они разошлись по ДНК-линиям, вот и считайте, какая степень родства. Это же относится к другой пересекающейся гаплогруппе, N1c1. Можно подобрать и более минорные по численности. Ну, а «народ» – это другая игра, не

генетическая. Как насчет понятия «американский народ»? Там кого только нет, но народ, не так ли? Народ – это не генетическое понятие.

Вообще введение понятия «славяно-тюркский народ», на мой взгляд, бессмысленное. Есть понятие «Евразийский союз», несущее географическую нагрузку, а не языковую. Туда могут войти не только славяне и тюрки, но и, например, финно-угры (если продолжать использовать языковые понятия), или просто угры. Например, марийцы, коми – они не славяне и не тюрки, их что – отбросим? А осетины – славяне или тюрки? Не то, и не другое, это «индоевропейцы», в языковом смысле. И таких этнических образований много, а язык – всего один из компонентов этноса.

*Олег* говорит:

[08.09.2016 в 05:37](#)

### **Тема: мтДНК гаплогруппы на территории древней Иудеи**

Здравствуйте, уважаемый Анатолий Алексеевич! Я купил Вашу книгу, которая называется “Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии”, и с интересом прочитал её. Откровенно скажу, мне понравился Ваш труд, было просто и понятно для простого обывателя, интересующегося генеалогическими изысканиями своих предков. Спасибо Вам большое, книга украсила мою библиотеку (она стоит рядом с Торой). Правда, есть некоторая однобокость (я прошу прощения). В ней исследуются Y-DNA (передающиеся исключительно по отцовской линии). А как быть с матерями (ведь женщины порождают человечество). Я бы хотел прочитать Ваш труд, основанный на митохондриальной (материнской) линии. Всё-таки и мужчины, и женщины – главные составляющие человеческого рода, и я думаю (с Вашего позволения) не следует ими пренебрегать.

Основываясь на этом мировосприятии я хочу задать Вам, Анатолий Алексеевич, вопрос: какие основные митохондриальные гаплогруппы преобладали на территории древней Иудеи? Только этот единственный вопрос. Заранее благодарю Вас и жду новых статей и книг (о женщинах не забывайте). У меня, к примеру, митохондриальная гаплогруппа (mt DNA) – N1b2 (она славянская или ещё какая-то), просто я слышал противоречивые мнения. По Y-ДНК у меня ничего интересного – R1a1a(M198).

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[08.09.2016 в 19:10](#)

>> *Правда, есть некоторая однобокость (я прошу прощения). В ней исследуются Y-DNA (передающиеся исключительно по отцовской линии). А как быть с матерями (ведь женщины порождают человечество). Я бы хотел прочитать Ваш труд, основанный на митохондриальной (материнской) линии. Всё-таки и мужчины, и женщины – главные составляющие человеческого рода, и я думаю (с Вашего позволения) не следует ими пренебрегать.*

«Однобокости», конечно, там нет. Или «однобокость» там такая же, как в ситуации, когда Вы видите учебник по химии, и спрашиваете – а как же физика? Это, мол, однобокость. Но это не однобокость, это по сути разные дисциплины, каждая со своей методологией, со своим расчетным аппаратом, со своей системой выводов и интерпретаций. Конечно, можно написать учебник типа «Естественные науки», и объединить физику с химией, добавив биологию, но это будет уже другой материал, рассматриваемый на другом уровне, и в нем не будет уже той степени детализации, какая есть в отдельных книгах по физике и по химии. И по биологии.

То же самое в работах по ДНК-генеалогии, которые фокусируются или на Y-хромосоме, или на мтДНК. Вместе не получится, или это будет механическое складывание результатов по сути двух разных дисциплин. Шаблонные фразы, типа «ведь женщины порождают человечество» здесь не помогают. ДНК-генеалогия в значительной степени описывает древние миграции, а женских миграций, насколько мне известно, не было. Маршруты перемещения Y-хромосом и мтДНК совершенно разные, хотя бы потому, что женщины обычно приходили в селение к мужу, а не наоборот. Это не означает, конечно, что перемещения мтДНК изучать не надо, но это – совершенно по сути другая информация.

А найти мои работы по мтДНК очень просто, Вы их, наверное, пропустили. Например, в книге «Происхождение славян» (2013) есть две главы под общим названием «Се человек», одна – про Y-хромосомы, другая – про мтДНК. Так что дело не в «пренебрежении», а в отдельном рассмотрении. С моей стороны замечу, что чем больше человек знает о предмете, тем менее он критичен и категоричен. А когда критичен – то он выдвигает свое знание предмета, а не ограничивается тем, что кто-то «пренебрегает». Тем более когда это не так.

>> *какие основные митохондриальные гаплогруппы преобладали на территории древней Иудеи? ...У меня, к примеру, митохондриальная гаплогруппа (mt DNA) – N1b2 (она славянская или ещё какая-то), просто я слышал противоречивые мнения.*

«Мнения» не надо слушать без того, чтобы их детально проверять. Если это, конечно, интересует, а не просто так. Вопрос, какие мтДНК преобладали на территории древней Иудеи давно дебатировался в

научной литературе, но все гипотезы последовательно были отвергнуты. Если Вас это действительно интересует, почитайте статью Tofanelli S., Taglioli L., Bertocini S., Francalacci P., Klyosov A., Pagani L. Mitochondrial and Y chromosome haplotype motifs as diagnostic markers of Jewish ancestry: a reconsideration. *Frontiers in Genetics*, November 2014, vol. 5, pp. 1-10.

Что касается Вашей конкретной гаплогруппы мтДНК, N1b2, то она редкая, и среди изученных 2818 мтДНК евреев и 27651 мтДНК неевреев, она встретилась всего 23 раза у евреев, и 7 раз у неевреев. Как видите, и здесь четкого ответа нет, хотя у евреев более вероятно.

>> По Y-ДНК у меня ничего интересного – R1a1a(M198).

Это, конечно, не так. Дело в том, что у евреев-ашкенази есть «свои» субклады гаплогруппы R1a, все они имеют M198, потому что это очень поверхностный субклад. А ниже по лесенке субкладов евреи гаплогруппы R1a отходят в свои ветви. Поэтому Вам стоит сделать тест на глубокие субклады, и узнать, у Вас «славянский» субклад, ашкеназийский, или какой другой, например, скандинавский или карачаево-балкарский, или какой другой.

(Продолжение «Прямой линии» следует)

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 90

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

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

### LETTER 317

I work in the area of theoretical Physics, and I was interested in the problem of Megalitics buildings in the area of Balkans. I was thinking more in the manner of anti-gravitation effect, e.g. in the manner of Nikola Tesla who suggested that there is no gravitational force or otherway our mass is somehow a phenomenon that can be annihilated thru the effect of resonans.

Led by this idea I started to think about ancient text (where can be hidden this secret) in the pre-Roman period, namely Etruscan language.

The result of my effort is that I can clearly read so-called Pyrgia tablets, and I believe I found a proof how they can be reconstructed, as well as any ancient language like Ilyrian or Latin.

This seems to me very important, and it also proved your theory about origins of Slavonic people in the Balkans and Russia.

If you are interested to meet me somewhere in Europe or Russia, please contact me. I can read and speak Russian.

### MY RESPONSE:

I happen to know a good number of people who claim they readily read Etruscan texts. The problem is that all of them read it very differently, and get totally different contents and sense. It might be that you can read Etruscan texts in the most authentic way compared to all of them, but how would I know?

I suggest you to send me several Etruscan texts along with their translation to Russian (since you have mentioned that you can manage it), I will show the

original texts (not your translations) to a few people who claim that they can read Etruscan, and we compare the translations. I will let you know on those results.

## **ПИСЬМО 318**

Я определил свой 37-маркерный гаплотип (снип не определял) в американской компании FTDNA, и затем обнаружил, что он полностью совпадает с гаплотипом в базе данных IRAKAZ, к которому указан снип R1a-Y2902 (приведен номер гаплотипа в базе данных). Буду признателен, в том числе и финансово, найти имя/контакты этого человека из вашей базы.

## **МОЙ ОТВЕТ:**

Эти данные из базы IRAKAZ принадлежат Вам же, и взяты из базы данных FTDNA. Видимо, Вас дезориентировало то, что Вы не оставили в базе данных сведений о предках. Предварительное отнесение Вашего гаплотипа к субкладу Y2902 сделано составителями базы IRAKAZ. Если у Вас есть желание сделать персональное ДНК-генеалогическое исследование этих данных, то это можно сделать. Возможно, Вам будет также целесообразно воспользоваться сезонной скидкой в FTDNA и заказать там R1a-Z280 SNP Pack. В состав пакета входят 10 снипов ветви Y2902. Это позволит Вам выйти из зоны неопределенности, где пока пребывает большая часть носителей Вашего субклада.

## **ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ**

По поводу персональных интерпретаций. Я прочитал десяток интерпретаций и по присланной вами ранее ссылке, и найденные в интернете. Ваш алгоритм определил мой субклад как Y2902. Судя по картам на сайтах - ветвь Y2910. Персональная интерпретация для Y2910 уже есть в ваших публикациях. Если я закажу - будет ли что-то существенное и более персональное сверх уже опубликованного для Y2902 в упомянутой публикации? Или тоже самое?

Как я понимаю, даже заказав R1a-Z280 SNP Pack, я могу продвинуться только к упоминанию общего предка в начале тысячелетия. Например в одной персональной интерпретации для Y2902-YR1447 указан общий предок на уровне -1700 лет.

Боюсь, что это не поможет мне продвинуться в моей задаче - уточнить историю происхождения моего рода, предположительно от потомков "царевича Берке-Аникея", потомка Чингисхана, и найти возможных родственников по общему предку в пределах 700 лет назад. Хотя судя по



субкладу Y2902 я уже понимаю, что линия к "татарскому царевичу" имеет практически нулевую вероятность.

## **МОЙ ОТВЕТ:**

Персональная интерпретация на то и персональная, что она не ограничивается наименованием снипа, будь то Y2902 или Y2910. Хотя если Вы полагаете, что уже узнали то, что Вам нужно, узнав (или предположив), что у Вас Y2902 или Y2910, то интерпретация Вам не нужна.

В интерпретации анализируется в первую очередь гаплотип, его мутации, выявляется ваша ветвь на дереве гаплотипов, по ветви находятся наиболее близкие родственники, приводятся их фамилии и регионы проживания их предков. Описываются миграционные пути, археологические культуры, если такие можно выявить в отношении Ваших предков. Но, повторяю, если Вы уже настроены, что это Вам не нужно, а то, что нужно, Вы и так знаете, то интерпретация Вам не нужна.

Повторю то, что было изложено в предыдущем выпуске Вестника:

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.

### ПИСЬМО 319

Подскажите, пожалуйста, где и как можно узнать свою гаплогруппу?

### МОЙ ОТВЕТ:

<http://dna-academy.ru/>

Взгляните на верхнюю строку, раздел «Заказать ДНК-тест».

### LETTER 320

Do you think a bio weapon against ethnic Russians is a reality? It would be just too sweet for some western ruling elite to liquidate Russians without destroying or contaminating Russian land: they are evil enough actually doing it knowing that Russians by nature and by faith are incapable of such a crime.

### MY RESPONSE:

Biological weapons do exist for a century, starting with Iprit (sulfur mustard). There is nothing new with it, it can be more or less sophisticated and more or less lethal. Both USA and USSR were actively working with it, and both did

not consider it as a crime (at least at their end). Practically all humans (and animals) were equally hopeless with those bioweapons, all ethnic and racial groups, and sexes.

However, the all buzz now is about "DNA specific targeting weapon". I do not view it as a doable things, because all people have almost the same DNA, and there is no ethnic group which would be noticeably different from other with their, say, Y-chromosome. I think it is a part of information war, an attempt to scare people. Also, it is a way for some to get fat grants for respective "studies".

Of course I cannot predict everything, however, to design "DNA-targeted" weapon now is not feasible. After all, 40% of Germans are Slavic people are essentially the same by their origin and history. Ukrainians and Russians are the same people, as well as about 25% of Austrians, etc. There are plenty of people of the Russian origin in the USA. So whom they are going to target?

#### **LETTER 321:**

I watched your lectures about Alanian and Scythian relations with modern Turkic speakers. According to your lectures, Pan-Turanist are claiming that Proto-Turkic R1a is ancestral to all other R1a subclades and mutations (which include Slavic R1a-M458). So if it is the truth, what we can call the real Slavic haplogroup, who are carrier of modern Slavic language and are the "Slavs" artificial name or not?

#### **MY RESPONSE:**

In short, both Pan-Turanists and Pan-Slavists are wrong with their conjectures. First, Proto-Turkic (whatever is their definition) haplogroups were not only R1a, but also R1b, G2a, C, N, etc. Second, Proto-Slavic (whatever is their definition) haplogroups were not only R1a, but also I2a (the last one can be considered Proto-Slavic only from the end of BC, some 2300 years ago).

So there is no point to focus exclusively on R1a for both "parties", though R1a was a predominant one in many tribes.

Then, Turkic R1a (and Proto-Turkic R1a as well) were almost exclusively R1a-Z93, and Slavic R1a (and Proto-Slavic as well) were almost exclusively R1a-Z280 and R1a-M458. We can find some exceptions, as always in science and life, however, the general pattern is as described above.

Alanian haplogroups were mostly R1a, G2a, and J2a. Again, as you see, there is no reason to "divide" the Alanian heritage. The first two went to present

day Karachay (30% and 28% respectively, plus some 15% of R1b, mainly in Balkars), G2a went mainly to Osetins, up to 75% of their males, and J2a went mainly to Ingush and Chechens.

To sum it up, there is no “Slavic haplogroup” neither a “Turkic haplogroup”. The same way there is no “Jewish” or “Arabic” haplogroups. All people are mix, at some degree, some more, some less. They differ by a wide range of complex factors, including territory, culture, religion (which is culture too), language, history, gods and heroes.