

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

**Proceedings of the Academy  
of DNA Genealogy**

**Moscow-Boston-Tsukuba**

**Volume 10, No. 5  
May 2017**

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

ISSN 1942-7484

**Вестник Академии ДНК-генеалогии.**

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.

Издательство Lulu inc., 2017.

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

*При цитировании ссылка на данное издание обязательна.*

Составитель  
*Академия ДНК-генеалогии*

Оформление издания  
*Anatole A. Klyosov*

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

© А-ДНК, 2017

## СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Курс лекций по практической ДНК-генеалогии. Иллюстрации. Лекция 7. А.А. Клёсов. ....	1685
Погребальный обряд как маркер носителей Y-хромосомы. Е.В. Щербинина. ....	1695
ТАТАРСКИЙ ПРОЕКТ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ. ....	1714
Литовские татары. ДНК-родословные и их корни в степях Евразии. И.Л. Рожанский. ....	1715
Еще о татарах гаплогруппы R1a-M458 (короткая переписка). ....	1736
Отрицание общей родины у татар, по меньшей мере, некорректно. Р. Сафин, М. Акчурина. ....	1744
Комментарий редактора. А.А. Клёсов. ....	1761
У татар не нашли общей родины (выдержки) . ....	1763
Комментарий редактора. А.А. Клёсов. ....	1768
Беглый анализ ДНК потомка старинного немецко-шведского рода. А.А. Клёсов. ....	1778
Дискуссии на «Переформате» по миграциям ариев. Часть 2. ....	1782
ЛЮДИ ДОЛГА И ШУДРЫ: 1917 – 2017. А.Е. Федоров. ....	1883
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 83, письма 283-285. ....	1896

# Курс лекций по практической ДНК-генеалогии.

## Иллюстрации. Лекция 7

Анатолий А. Клёсов

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

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

[https://www.youtube.com/playlist?list=PLux4EjQmNIae3ZEKy7PNs\\_eYJw3LVrsJ6](https://www.youtube.com/playlist?list=PLux4EjQmNIae3ZEKy7PNs_eYJw3LVrsJ6)

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

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

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

# Практический курс ДНК-генеалогии из 18 лекций

## Лекция 7

*Клёсов Анатолий Алексеевич*  
Академия ДНК-генеалогии  
Москва – Бостон (США)

## Лекция 7 Логарифмический метод.

Мы уже не раз упоминали логарифмический метод расчета времени жизни общего предка серии гаплотипов. Суть его заключается в том, что чем древнее общий предок, тем меньше от него остается предковых (базовых) гаплотипов, и величина этого остатка определяется величиной константы скорости мутации. Эта зависимость является экспоненциальной, и ее легко перевести в логарифмическую. Расчет константы скорости мутации превращается в простую задачу химической кинетики.

Простейшее уравнение  
(первого порядка) скорости  
мутации в Y-хромосоме

$$c / c_0 = e^{-kt}$$

$$[\ln(c_0 / c)] / k = t$$

## Лекция 7 Расчетные методы ДНК-генеалогии

Вспомним, как мы только что считали датировку общего предка для 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21. Мы взяли 12-маркерные гаплотипы, поскольку в более протяженных гаплотипах немутированных (базовых, или предковых) гаплотипов оставалось бы мало. Среди них было 249 базовых гаплотипов. Это дает  $[\ln(3466/249)]/0.02 = 132 \rightarrow 152$  условных поколений. Для 25-маркерных гаплотипов в той же серии было 10 базовых гаплотипов, что дает  $[\ln(3466/10)]/0.046 = 127 \rightarrow 146$  условных поколений, или примерно 3650 лет.

Как видно, применение логарифмического метода очень просто. В списке гаплотипов находим одинаковые гаплотипы (это и есть базовые), и считаем их количество. В примере на слайде выше в списке из 3466 гаплотипов было 249 одинаковых гаплотипов в 12-маркерном формате. Технически, они легко выявляются в списке гаплотипов, используя программу Excel, в которой все гаплотипы с мутациями отбрасываются. Это можно делать с помощью функции сортировки. Когда сортировка завершена и проверено, что в окончательном списке (в данном случае из 249 гаплотипов) мутаций нет, все гаплотипы идентичны друг другу, тогда используется простая формула, как показано на слайде выше – общее количество гаплотипов в списке делится на количество идентичных гаплотипов, берется натуральный логарифм полученной величины, делится на константу скорости мутации для 12-маркерных (в данном случае) гаплотипов, и получается количество условных поколений до общего предка, куда следует внести поправку на возвратные мутации (если это число условных поколений больше 25).

В принципе, вместо 12-маркерных гаплотипов можно брать любые, но ясно, что чем длиннее гаплотипы (что хорошо) их в окончательном списке останется меньше (что плохо). Плохо – потому что когда идентичных гаплотипов остается мало, то резко возрастает погрешность расчетов, и действительно, когда остается, например, четыре идентичных гаплотипа, то погрешность соответствует  $\pm 51\%$ . Это объясняется и тем, что там, где четыре гаплотипа, там случайно может оказаться и три, и пять. При числе идентичных гаплотипов меньше четырех расчеты уже совсем ненадежны. Более того, и эти гаплотипы могут оказаться не базовыми, а совсем случайными.

Но когда исходный список гаплотипов длинный, и общий предок жил относительно недавно, тогда число идентичных гаплотипов может насчитывать десятки и сотни, и расчеты получаются относительно точными. Более того, в гаплотипах не нужно считать мутаций, что при ручном расчете очень трудоемко. Тем и удобен логарифмический метод.

## Лекция 7

### Поправки на возвратные мутации

Мы также несколько раз упоминали о поправках на возвратные мутации. Необходимость их в том, что при уходе в датировки древнее, чем 600 лет назад, и тем более в тысячи лет назад, некоторые уже случившиеся мутации «закрываются» мутациями обратными, столь же неупорядоченными, и мы недосчитываем мутаций. То есть расчетные датировки становятся «моложе». Например, 950 лет вместо 1000 лет, 1850 лет вместо 2000 лет, но уже 4175 лет вместо 5000 лет, и 7200 лет вместо 10000 лет. Это уже 28% ошибки. Далее ошибка нарастает по экспоненте.

### Расчет поправок на возвратные мутации

$$\lambda = \frac{\lambda_{obs}}{2} (1 + \exp(\lambda_{obs}))$$



## Расчет поправок на возвратные мутации

В серии из 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате наблюдаются 92120 мутаций, то есть  $92120/3466/111 = 0.239$  мутаций на маркер. Настоящее число мутаций на маркер равно

$$\lambda = \frac{0.239}{2} (1 + \exp(0.239))$$

то есть поправочный коэффициент равен  $(1+1.27)/2 = 1.135$ . Имеем 134 усл. поколения  $\times 1.135 = 152$  условных поколения, или 3800 лет.

## Серия из 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате гаплогруппы R1b-L21

Предковый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10  
11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 – 11 11 19 23 16  
15 18 17 36 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10  
10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12  
11 13 11 11 12 12 – 35 15 9 16 12 25 26 19 12  
11 13 12 11 9 12 12 10 11 11 30 12 13 24 13  
10 10 21 15 19 13 24 17 12 15 24 12 23 18 10 14  
17 9 12 11

## Варианты расчетов датировок общего предка для серии из 3466 гаплотипов

**Предковый гаплотип:**

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11  
11 25 15 19 29 15 15 17 17...

**Мы уже рассмотрели варианты – (1)  
линейный метод, по 92120 мутациям в 111-  
маркерной серии, (2) логарифмический  
метод, по базовым (немутированным)  
гаплотипам. Рассмотрим автоматический  
метод – калькулятор Килина-Клёсова.**

## Серия из 3466 гаплотипов в 111- маркерном формате гаплогруппы R1b-L21

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1		KKK111	KKK22	LM6	LM12	LM17	LM25	LM37	LM67	LM111
2	TMRCA	4197	5592	4161	3499	3679	3571	3576	3841	3810
3	standard deviation по км	274	938	2021	1050	740	544	388	433	308
4	standard deviation Кнёсов		421	352	369	358	358	384	381	
5			(1+EXP(CV))	17	2.6	100				
6	STR	age of haplotype	DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385a	DYS385b	DYS426	DYS388 I
7	P = 1/k (mutation rate constant)		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022
8	P for LM		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022
9	Variance/P		116	157	57	119	44	150	236	115
10	AverageValueSTR		13	24	14	11	11	14	12	12
11	AverageAbsDeviation/p		113	153	51	166	38	126	231	101
12	AverageAbsDeviation		0.07	0.34	0.09	0.36	0.11	0.45	0.02	0.02
13	AbsDeviation		232	1164	318	1262	365	1571	72	77
14			-0.37	-0.16	-0.67	-0.35	-0.73	-0.19	0.25	-0.37
15			0.62	0.84	0.31	0.64	0.23	0.80	1.26	0.62
16	haplotype 1		13	25	14	10	11	14	12	12
17	haplotype 2		13	25	14	10	11	14	12	12
18	haplotype 3		12	24	14	10	11	15	12	12
19	haplotype 4		13	24	14	11	11	14	12	13
20	haplotype 5		12	24	14	11	11	14	12	12
21	haplotype 6		13	24	15	11	11	15	12	12
22	haplotype 7		13	24	15	11	11	15	12	12

## Калькулятор Килина-Клёсова

Проводит автоматические расчеты по любому количеству гаплотипов (до 10 тысяч) и по любому количеству маркеров (до 111).

Проводит расчеты одновременно по 10 панелям гаплотипов и разными методами (линейным и квадратичным). Выводит на дисплей количество мутаций по каждому маркеру и по всем маркерам вместе.

Рассчитывает дисперсию аллелей по каждому маркеру. Указывает, какой маркер имеет сомнительный набор аллелей (например, из-за ошибок введения данных или из-за примесей).

## Квадратичный метод расчетов датировок

Поскольку мы упомянули квадратичный метод, расскажем о нем кратко. Для счетов вручную этот метод практически не используется из-за его трудоемкости.

13 24 16 **10** 11 15 12 12 10 13 11 30

13 **25** 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30

13 24 16 11 11 15 12 12 **11** 13 11 30

В квадратичном методе проводится расчет разницы в аллелях «всех между всеми», то есть их попарных отклонений друг от друга, в каждом случае возводимых в квадрат. Для трех приведенных гаплотипов получаем матрицу:  $1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2 + 1^2$   
 $= 12$ , делим на два, на квадрат числа гаплотипов (9) и на константу скорости мутации на маркер ( $0.02/12 = 0.00167$ ).  
Получаем 33 условных поколения, или  $825 \pm 480$  лет.

## Мультимаркерные эффекты, или палиндромные маркеры

13 24 14 11 **11 14** 12 12 12 13 13 29 – 17 **9 10** 11 11 25  
15 19 29 **15 15 17 17** – 11 11 **19 23** 16 15 18 17 **36 38**  
12 12 – 11 9 **15 16** 8 10 10 8 10 10 12 **23 23** 16 10 12 12  
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 – 35 15 9 16  
12 25 26 19 12 11 13 12 11 9 12 12 10 11 11 30 12 13  
24 13 10 10 21 15 19 13 24 17 12 15 24 12 23 18 10  
14 17 9 12 11

Эти 16 маркеров, дублиеты и один квадруплет, часто мутируют парами, поскольку одна мутация автоматически переписывается на соседний маркер. Например, 11-14 → 14-14, 19-23 → 19-19, 15-15-17-17 → 15-15-15-15, 36-38 → 36-36. В каждом таком случае это – одна мутация, так их и надо считать.

## Мультимаркерные эффекты, или палиндромные маркеры

13 24 14 11 **11 14** 12 12 12 **13 13** **29** – 17 **9 10** 11 11 25  
15 19 29 **15 15 17 17** – ...

Еще эффект, который условно можно назвать мультимаркерным, сопряжен с маркерами DYS389-1 и DYS389-2 (отмечены розовым цветом). Та аллель, которая записана как **29**, на самом деле в данном случае равна 16, а 29 – это сумма 13 и 16. Поэтому эквивалентная запись на первых 12 маркерах такая –

13 24 14 11 **11 14** 12 12 12 **13 13 16**.

Таким образом, изменение этой «розовой» пары от 13-29 к 13-30 есть одна мутация, и от 13-29 к 14-30 – тоже одна мутация, хотя на вид представляется, что две. На самом деле это переход от 13-16 к 14-16.

Конец лекции 7

# Погребальный обряд как маркер носителей Y-хромосомы

Щербинина Е.В.  
Член Академии ДНК-генеалогии

Изучение погребального обряда – неотъемлемая часть работы археологов и историков. К настоящему времени накоплен большой статистический материал по этой теме. И публикаций по интерпретации разных погребальных обрядов тоже достаточно. Казалось бы, что тут можно внести нового? Но с развитием ДНК-генеалогии и с накоплением данных по полевым работам (с извлечением палео-днк из останков), у нас появилась возможность посмотреть на погребальный обряд в новой плоскости. Благодаря работам А.А.Клессова и специалистов Академии ДНК-генеалогии, мы знаем, что носители некоторых гаплогрупп Y-хромосомы на определённых этапах своих миграций использовали специфические приёмы погребального обряда. Причём налицо его консервативность и сохранность в течение длительного времени, но хотелось бы выделить именно специфичность, то есть наличие определённых погребальных традиций у носителей конкретной гаплогруппы. Конкретнее мы имеем ввиду носителей гаплогрупп R1a и R1b. А.А. Клёсов обнаружил следующую закономерность:

В древних погребениях все костяки, относящиеся к гаплогруппе R1a, лежат с поджатыми ногами, лицом на юг, притом мужчины – на правом боку головой на запад, а женщины – на левом боку головой на восток (Клёсов, 2016). Руки находятся перед лицом (*Прим. редактора – про руки перед лицом – это в первую очередь к носителям гаплогруппы R1a-Z93. У носителей R1a-Z280 руки расположены – в обнаруженных случаях – вдоль тела*). И это, безусловно, революционное открытие, позволяющее нам связать конкретную похоронную обрядность с родовой принадлежностью.

Подобная закономерность трупоположения выявлена и у носителей гаплогруппы R1b, а конкретнее – в ямной археологической культуре (*Прим. редактора – не только в ямной, но, например, и у сарматов от Урала до Днепра, и у поздних кельтов в Европе, предположительно носителей гаплогруппы R1b*). Так называемая «курганная культура» продолжила традиции хвалынской археологической культуры как в похоронной обрядности, так и в родовой принадлежности. Судя по гаплотипам, выявленных у тех и других, это ближайшие родственники. И хотя в специальной литературе трупоположение ямников (эрбинов) также

называют скорченным, имеется ввиду лишь согнутое положение конечностей. Ямники, как и их предшественники хвалынцы (хвалынская, самарская, ботайская археологические культуры), хоронили своих умерших на спине. Понятно, что каждый погребальный обряд является следствием определённых культурных и религиозных воззрений. Нам, современным людям, имеющим другой менталитет и другие социально-бытовые условия, приходится только гадать о значении аспектов разных погребальных традиций. Повторюсь, в литературе их не мало, и обсуждение данной темы надолго отвлечёт нас от вполне конкретных вопросов. А вопросы следующие:

1-Насколько мы можем связать скорченное труположение (поза эмбриона) с носителями гаплогруппы R1a в процессе их длительной миграции с востока на запад, в Балканский регион. Временные рамки с 9 по 3 тысячелетия до н.э..

2-Насколько мы можем связать труположение «вытянуто на спине» с носителями гаплогруппы R1b в процессе их длительной миграции в востока на запад в район Пиренейского полуострова. Временные рамки с 9 по 3 тыс. до н.э.

Целью данной работы стало накопление и оценка статистического материала по погребальным обрядам мезолита и неолита Европы и Азии; выявление специфических особенностей, а именно труположения, связанных с определёнными родовыми общинами, что на языке ДНК-генеалогии означает носителей определённых ДНК линий - гаплогрупп. В данной работе будут рассматриваться только носители Y-хромосомы. Родовая община априори предполагает сожителство родственных групп населения, в которую, безусловно, может входить небольшое число и не родственного населения: пленников, рабов, наёмников, ремесленников и т. д. Это положение не относится к мигрирующим группам, в которые вполне, вероятно, могли входить носители нескольких гаплогрупп. Такой сценарий мы видим при заселении Австралии (Рожанский, 2015), и подобный же путь мы можем предполагать и при заселении Балканского полуострова в обозначенное время (9-7 тыс. до н.э.) мигрантами с Малой Азии. Основной вопрос, на который хотелось бы получить ответ, - это каким путем и в какое время на территорию Европы проникли носители гаплогруппы R1a. Данное исследование, как и множество других, ему подобных, по большому счёту ставит перед собой именно эту цель. Мы знаем, что «старая» Европа содержала другой набор гаплогрупп (G, I, J, C - Костёнки, и др.), R1a среди них не было. С другой стороны, мы наблюдаем в эпоху бронзы массовое расселение этой гаплогруппы по Евразии (например, определение 9 образцов гаплогруппы R1a - Наак и др., 2015; Allentoft и др., 2015, все они обозначены как «поздние неолитические - бронзовый век» с датировками в интервале 4660±180 лет назад). Теория М. Гимбутас на сегодняшний момент признана не состоятельной. Данные А.А. Клёсова и предложенный им

миграционный маршрут отражают наиболее современные представления археологов и лингвистов. Но пока не всё имеет подтверждение по палео-ДНК. Ископаемые ДНК «Старчево» относятся к гаплогруппам G2a (три образца), F\* (три образца) и I2a1 (один образец). В культуре «Винча» протестирован пока только один образец гаплогруппы G2a-P15. Датировки захоронений старчевской культуры составили 6700±100 лет, Винча – 6200±120 лет. Ископаемая гаплогруппа J2 найдена в культуре «Сопот» в Подунавье, с датировкой 6049±29 лет назад, сама культура датируется 7200-5800 лет назад (А.А.Клэсов, 2016). Гаплогруппа R1a в европейских культурах балкано-карпатской металлургической провинции пока не найдена, хотя собрано большое количество косвенных данных, указывающих на то, что она там была. Это, во-первых, палео ДНК останков с Оленьего острова, R1a-M459; палеоДНК из Жижицкой археологической культуры. R1a-M198, которая могла образоваться в культуре линейно-ленточной керамики; R1a культуры ямочно-гребенчатой керамики и днепро-донецкой, из последних данных (<http://www.biorxiv.org/content/early/2017/03/02/112714>). Все эти культуры, без сомнения, имеют европейское происхождение, о чём более подробно будет сказано ниже. Следует также упомянуть и реликтовый субклад R1a-M420, найденный в Иране, который указывает на исходные пути миграции.

*Примечание редактора – ни одна находка сама по себе не указывает на «исходные пути миграции». Датировка общего предка нескольких образцов этого субклада в Иране дает около двух тысяч лет назад. Это, конечно, могло быть время прохождения бутылочного горлышка, это может указывать на R1a, прибывшие на Иранское плато примерно 3500 лет назад, но это само по себе никак не указывает на «прародину». Для этого нужны дополнительные независимые данные.*

И, конечно же, в связи с этим перечнем косвенных данных нельзя не упомянуть и особенности погребального обряда, отмеченные А.А.Клэсовым. Мы имеем прямое (вытянутое) труположение для ряда археологических культур, начиная с самарской, ботайской, хвалынской и ямной, и для трех последних есть масса данных палео днк с гаплогруппой R1b. С другой стороны мы имеем скорченное положение для культур шнуровой керамики, фатьяновской-балановской и культур синташты-андроновского круга с подтверждённой гаплогруппой R1a. Этого достаточно, чтобы для временного промежутка конца энеолита-бронзы признать факт совпадения конкретных родовых линий и применяемого ими обряда труположения.

Для времён, более ранних, пока нет достоверно подтверждённых соотнесений. И данная работа ставит своей целью начать исследования в этом направлении. Она ни в коей мере не претендует на полный охват материала и законченность. Это только первое звено в изучении



погребальных обрядов мировых археологических культур мезолита-неолита. Не просто изучения, а соотнесения обряда и родовой принадлежности его носителей. Подробное картирование результатов с учётом датировок помогло бы проследить направление миграций носителей изучаемых гаплогрупп. Безусловно, выявленная А.А. Клесовым связь представляет огромное значение для культурологии, этнографии и исторической науки в целом. И, мы уверены, что она в будущем станет предметом тщательного изучения специалистами вышеуказанных дисциплин.

1. Для начала нам требуется проследить путь носителей гаплогруппы R1a (будущих ариев, славян, и других народов) с места зарождения данной гаплогруппы, то есть «прародины», к местам их современного проживания. Надо отметить, что история поиска родины индоевропейцев (а носители обозначенной гаплогруппы, без всяких сомнений, ими являются в современном мире) насчитывает уже не одну сотню лет. И без знаний и данных ДНК-генеалогии невозможно было бы приблизиться к истине. Нахождение предковой гаплогруппы R (24 тыс. л. н.) в Сибири послужило отправной точкой. Дальнейший путь пока отмечен только косвенными данными по причине недостаточного количества палео днк. По мнению автора, на сегодняшний день из множества существующих версий миграции носителей гаплогруппы R1a хочется выделить теорию, обоснованную А. А. Клесовым. В ней учитываются все нюансы, в том числе и археологические, и лингвистические. И при всём критическом отношении оппонентов к данной исторической реконструкции надо признать, что она является наиболее полной и подтверждённой данными смежных дисциплин. Напомним, что эта концепция выводит носителей вышеописанной гаплогруппы из Сибири 20 тысяч лет назад (время рождения первого предка гаплогруппы R1a), проводит их через Верхнюю Азию с заходом в Тибет и Индию и оседание части населения там, далее в районы Малой Азии, и оттуда через Анатолию на Балканы. Именно в Анатолии Иванов и Гамкрелидзе обнаруживают следы ПИЕ языка и, не имея других данных, выводят оттуда «прародину» индоевропейцев. Мы же, учитывая археологические данные и связь первых земледельческих племён Малой Азии, имевших «расписную керамику» с неолитическими культурами Балкан, признаём этот путь наиболее вероятным. Нигде в специализированной археологической литературе не встречаются данные о массовой миграции населения Малой Азии на Балканы.

*Прим. редактора: никто и никогда не говорил о «массированной» миграции носителей R1a из Анатолии на Балканы. А о том, что на Балканы по данным археологии между 8 и 9 тысяч лет назад прибыли «пришельцы», такие данные у археологов есть.*

Но археологически подтверждено, что некоторая часть населения анатолийского нагорья проникала на Балканы и далее в Европу, принеся с собой традиции росписи керамики, окультуренные знаки, новые антропологические типы, религиозные воззрения, погребальные обряды и, скорее всего, язык (прим. автора). Так о каких конкретно археологических культурах идёт речь? И какие похоронные обряды были в «моде» в то время, время, когда человечество совершало первые шаги в земледелии и приручении домашних животных, - 9-7 тысячелетие до н.э.?

Конечно же, одной из самых ярких культур Анатолии является Чатал-Хююк – многослойное поселение, существовавшее, начиная с 7 тыс. до н.э. Из всего многообразия культурных особенностей Чатал-Хююка в данной статье нас больше всего интересует способ захоронения умерших. Ритуалы данной культуры явились весьма характерными для всего региона, и многие его черты обнаруживаются и на Балканах в том числе. Здесь захоронения совершались либо на территории поселения, либо в жилых домах (интрамуральные); были массовыми (редко индивидуальными), труположение – скорченно на левом боку. Ещё об одной погребальной особенности этой культуры мы расскажем ниже, а сейчас попробуем осмыслить факты. Являлось ли подобное труположение специфическим на данной территории? Являлось. Но нас интересует более конкретный вопрос, специфичен ли он для конкретной культуры, либо религии, либо конкретного рода? На этот вопрос пока нельзя ответить однозначно. Причиной является слишком маленькая статистика по таким датировкам, плохая сохранность останков, а главное, слабая изученность многих регионов Азии в широком смысле.

У нас есть два варианта. Первый, что данные похоронные традиции специфичны для носителей R1a и тесно связаны с их мировоззрением, религией, а возможно, даже и языковыми особенностями (ПИЕ). И были принесены ими в ходе миграции в регион Малой Азии и далее на Балканы. Либо второй вариант: скорченное положение – это местная «малоазиатская» традиция, воспринятая носителями рода R1a. Пока слишком мало статистических данных, чтобы обосновать первый либо второй вариант. Дальнейшие работы по сбору материала будут проводиться. Говоря о европейских горизонтах палеолита, можно сказать, что скорченное положение было известно ещё с мустьерской (120-100-40 тыс л.н.) эпохи. Например, на стоянке Пржедмость (Чехия) было найдено коллективное погребение, содержащее останки не менее 20 человек: 8 скелетов принадлежало взрослым, остальные – детям. Скелеты лежали по большей части скорченными на боку, иногда были обложены лопатками мамонта или перекрыты камнями. Сунгирь – вытянуто на спине, Костёнки-2-сидя, Маркина гора (Костёнки 14) – сильно скорчено на боку. То есть погребальный обряд ещё не был

определённым, сформированным. Ту же картину мы наблюдаем и на Оленьем острове с датировкой 7500 л.н.

Вернёмся к теме исследования: археологии известна более древняя «скорченность», чем в Малой Азии. Это культура Дзёмон (Япония), её самые древние слои с датировками 8 тыс. л. н. по классификации керамики, и около 13 тыс. л. н. по истокам самой культуры. Об этом мы скажем чуть ниже. Данных о труположении с других регионов ранее 9 тысяч л.н. автору пока не известны. Например, среди мезолитических памятников Индии наибольший интерес представляют поселения Лангхнадж (Гуджарат). Там найдено 7 скелетов, пока древнейших на территории страны. А также поселение Махадаха, где обнаружен важный антропологический материал времён мезолита – необычайно крупные скелеты: мужские – 192 см, женские – 178 см. Но данные о труположении автору, к сожалению, не удалось обнаружить. Наука не стоит на месте, и мы надеемся, что статистика по обнаружению древних культур и их погребальных обрядов будет пополняться.

А пока мы вынуждены учитывать оба варианта. Важным моментом тут является то, что традиции бывают зачастую территориальными, а не генетическими. То есть при полной смене населения, традиция похоронного обряда, прижившаяся на определенной территории, может сохраняться посредством передачи группами не родственного населения, об этом мы тоже скажем позднее и приведём примеры.

Возможно, зная семантику «позы эмбриона», мы могли бы прогнозировать, какие именно аспекты мировоззрения древних были «ответственны» за погребальные позы. Но мы не знаем, мы выдвигаем версии. Позволю себе подчеркнуть одну из них, основную. Так как «скорченное положение» приобрело наибольшую постоянность в зонах, где на первое место в жизни сообщества вышло земледелие, мы, современные люди, полагаем, что данная поза подчёркивала именно «материнство» земли». Но так как положение плода в чреве матери не менялось никогда в процессе эволюции, возможно, на первое место вышло осмысление роли не эмбриона человека, а зерна и его зародыша, продукта, от которого во времена 8-7 тыс до н.э. зависела жизнь, благосостояние общества, накопление запасов и, как следствие этих процессов, - оседлой жизни и образование первых протогородских цивилизаций. Логическая цепочка - откуда выходит жизнь, туда и уходит, - кажется весьма простой и поэтому притягательной. На этом месте автор готов признать умозрительность данной концепции, так как подтвердить её или опровергнуть уже не удастся никогда.

Обнаружены ли другие погребальные обряды в Чатал-Хююке? Как выяснилось, да. На стене одного здания, охарактеризованного археологами как святилище, была найдена группа рисунков. На одном

явственно обнаружена очень специфическая сцена, процитируем авторов: "Картины в одном из святилищ изображали хищных птиц, налетающих на безголовые трупы. Причем это были именно птицы, а не жрецы или другие люди в соответствующих костюмах. Это может иметь только одно объяснение: так кости очищались от плоти" (Берни Ч., и Лэнг Д.М., 2016). Этот интереснейший факт говорит о том, что традиции, позднее вошедшие в зороастрийскую систему верований, имеют местное происхождение и смогли продержаться в данном регионе до 600 года до н.э., время жизни пророка Заратуштры. Это, на наш взгляд, и есть пример «территориальных» традиций, которые сохранились независимо от состава населения, на ней проживающего. Другой вопрос, что наряду с традиционными (скорченными) погребальными обрядами в Чатал-Хююке начали выделяться и вот такие специфические. Возможно так хоронили жреческое сословие, мы не знаем. Но с существованием нескольких погребальных обрядов в одной археологической культуре мы ещё столкнёмся неоднократно. Подводя итоги данной главы, можно отметить, что анатолийские археологические культуры 7-6 тысячелетия до н.э. могли быть вместилищем для носителей гт R1a по ряду признаков, которые выделила для нас археология и лингвистика:

- обнаружение следов ИЕ языка в Анатолии;
- образование традиции «расписной» керамики, которую мигранты с районов Малой Азии принесли на Балканы и далее в Европу;
- скорченное труположение, которое в дальнейшем станет «визитной карточкой» для носителей гаплогруппы R1a;
- погребальный обряд в целом: интрамуральные погребения, наиболее ярко демонстрирующие связь ранних земледельцев Чатал-Хююка (7-6 тыс до н.э.), халафской культуры(конец 6-5 тыс до н.э.) с неолитом Европы: культуры линейно-ленточной керамики, Кереша, Тисы, Гумельницы. Что интересно, в Гумельницах, так же как и в халафской культуре, длительно сосуществуют как интрамуральные традиции, так и экстрамуральные.
- антропологические данные : средиземноморский тип, который станет новым для постледниковой Европы; североафриканский; и брахицефальный, который не встречался в других частях анатолийского плато.
- и наконец, сам факт обнаружения гаплогруппы R1a на европейской части континента.

Напомним читателю о данных по палео ДНК. Самой древней на сегодняшний день европейской культурой R1a является олениостровская культура Карелии с датировкой 7265±250 лет назад. Буквально за последнюю неделю было объявлено об обнаружении серии находок носителей гаплогруппы R1a в европейских северных культурах: ямочно-гребенчатой керамики (территория Эстонии) и днепро-донецкой,

которые большинство археологов признают родственными в той или иной степени. Большой неожиданности здесь не произошло, так как культура ямочно-гребенчатой керамики относится к позднебутовским, так же как и Верхневолжская культура, которая являлась либо исходной, либо проходной точкой миграции населения на Олений остров (В.Ф. Филатова, 2006.).

И днепро-донецкая археологическая культура, как мигрант из Европы, доликоцефального европейского антропологического типа вполне входит в круг возможных носителей R1a, как и других европейских гаплогрупп. К слову, по данным Т.И. Алексеевой (1997), эти три археологические культуры (оленеостровская, ямочно-гребенчатая и днепро-донецкая) связаны между собой наличием очень специфичного, как ранее считалось монголоидного (Р.Я Денисова, 1997), а в более современной интерпретации палеоевропейского антропологического типа. Что вполне объяснимо наличием женщин подобного типа на Русской Равнине. В случае днепро-донецкой культуры археологически доказано нахождение там европейцев мужчин и «монголоидных» женщин. Именно благодаря неправильной интерпретации этого факта, культуру ямочно-гребенчатой керамики (где подобные типы тоже были найдены) долгие годы причисляли к предкам финно-угорских народов. И только в последнее время, благодаря работам многих исследователей (М.Г.Косменко, Д.А.Крайнова, В.Ф. Филатова, Н.И.Перзеева и др.), была доказана несостоятельность этой версии. Данные ДНК-генеалогии также показали, что носители N1a (предки как финно-угров, так и балтийских народов) имеют достаточно молодые линии, в среднем 3500 лет до первопредка (А.А. Клесов, И.Л. Рожанский), и не могут иметь отношение к культуре ямочно-гребенчатой керамики.

Необходимо упомянуть и о культуре озерных поселений, или жижицкой археологической культуры, обнаруженной в Смоленской и Псковской областях. Здесь также выделена гаплогруппа R1a-M198, с датировкой (в среднем) 5000 л.н. (Сертея-8) и 4500 л.н., соответственно. Необходимо учитывать, что в образовании данной археологической культуры немаловажную роль сыграли представители культуры линейно-ленточной керамики (ЛЛК), что заметно и в том числе по расписной керамике «балканского» типа. По культуре ЛЛК есть образцы гаплогруппы G (палео-днк). И в этой связи R1a Сертеи указывает на те же связи с Балканскими культурами, что и керамика, но уже в родовом отношении. Образцы N1a, обнаруженные в данной культуре, к сожалению, оказались недотипированными, и мы не можем сказать про них ничего конкретного.

Для чего понадобился столь подробный экскурс, напрямую, казалось бы, не связанный с основной темой статьи? Дело в том, что теорий проникновения носителей R1a (или тех, кого мы можем условно сейчас

отнести к R1a) на европейский континент великое множество. Здесь и полярная прародина, провозглашенная Тилагом, и выход из Индии через Среднюю Азию, и др. А вышеперечисленные пункты указанного нами маршрута являются по большому счёту косвенными. На сегодняшний момент доказать миграцию будущих ариев и славян именно таким маршрутом, через Анатолию на Балканы, со стопроцентной уверенностью нельзя. Это в принципе возможно только при обнаружении палео днк у нескольких археологических культур (или отдельных древних образцов ДНК) по ходу миграции.

Поэтому надо отметить, что анализ данных как ДНК-генеалогии, так и смежных дисциплин, археологии и лингвистики, указывают именно на этот маршрут, несколько лет назад предложенный А.А. Клёсовым. Пока новейшие данные как археологии, так и палео ДНК его подтверждают. А именно, повторим ещё раз, обнаружение R1a в культуре ямочно-гребенчатой керамики, как наследницы бутовского населения, говорит о проникновении носителей данной гаплогруппы со стороны Европы на территорию Русской Равнины. А не со стороны Сибири (северный путь), либо средней Азии - Черного моря, либо других регионов. Конечно, речь идёт именно о миграционных процессах, а не о единичных проникновениях. На тот же маршрут указывают и образцы Сертеи, учитывая «предковость» культуры ЛПК, а также образцы днепродонецкой культуры, европейское происхождение которой можно признать эталонным.

Свидетельства следов ПИЕ языка в Анатолии 9-тысячелетней давности так же являются косвенными данными. Пока никто достоверно не доказал связь носителей R1a в то время с ИЕ языками. Это наиболее вероятный путь, но не единственно возможный. И в этой связи возникает вопрос, как ни странно, айнского языка. Пока мнения лингвистов по этому вопросу весьма расплывчаты. Но есть данные исследователей (М.М. Добротворского, составителя первого айнско-русского словаря, 1875). За сочинение о правописании айнских слов и наличии следов ИЕ языка у айнов он был выбран членом Географического общества и был представлен к малой золотой медали. Археологически миграцию айнов в Японию маркирует культура Дзёмон, с датировками примерно 13 тыс. л.н.

Язык айнов агглютинативный с элементами флективности. И если официально подтвердятся ИЕ заимствования в языке айнов, это будет весомым доказательством в первую очередь существования ИЕ языка 13 тысяч лет назад, а так же региона, где состоялись контакты носителей разных гаплогрупп: R1a, которая двинулась в сторону Малой Азии, и гаплогруппы D и C, которые остались на японских островах, и составляют большинство у современных японцев. С большой долей вероятности это будет Сибирь, учитывая, что потомки айнов населяли её

вплоть до современности. По данным Всеяпонской переписи 1935 года на Сахалине в целом насчитывалось 298 хозяйств айнов и 1,504 айнов (в том числе 749 мужчин и 755 женщин). Айны многие тысячелетия были изолированы, благодаря островной географии. И поэтому некоторые реликты культуры (общесибирский культ медведя и др.) и языка сохранились у них лучше, чем у других народов Азии. Так же как и скорченное труположение в позе эмбриона, характерное для раннего периода культуры.

*Прим. редактора: в таких случаях принято давать ссылку и более подробное описание, на каком боку, какая ориентировка, и так далее. Если это пересказ третьего источника, то такое в научной литературе не допускается.*

Возможно, это именно то звено, которое подтверждает образование этой погребальной традиции раньше, чем в Малой Азии, а вместе с лингвистическими данными говорит о контактах предков айнов (гаплогруппы D, C ) с носителями ПИЕ языка, практикующих скорченное погребение (R1a). Носителей древних гаплогрупп G, J и I в азиатско-сибирских широтах пока не замечено, тем более с датировками ранее 13 тыс л.н. Так что с большой долей вероятности предки айнов проживали рядом с представителями гаплогруппы R1a в Сибири, либо в непосредственно ближайших к ней регионах около 15 тысяч лет назад. Это, без сомнения, предположение, основанное на косвенных данных. Дальнейшие исследования покажут, насколько оно может быть правомерно.

Мы сейчас обсуждаем ситуацию, когда данных палео днк о древних R1a (старше 5 тыс л.н. в европейской части, и 7500 л.н.в Карелии), в Балканском регионе и в Малой Азии пока не найдены. С одной стороны, мы знаем, что в старой Европе их не было, как и следов ПИЕ языка.

*Прим. редактора: Это – странная формулировка. Во-первых, они были, и это была первая находка (в 2008 году) ископаемых R1a с археологической датировкой 4600 лет назад (Eulau, современная Германия). После этого последовали находки ископаемых R1a в Esperstedt (6 образцов, Германия), с датировками 4515-4065 и 4488-4364 лет назад, в Bergheinfeld (Германия), с датировкой 4844-4480 лет назад, и в Швеции, с датировкой 4636-4487 лет назад. Во-вторых, как мыслится «найти в Европе следы ПИЕ языка»? Как, практически? По данным лингвистов, пра-индоевропейский язык начал расходиться на ветви 5500-6000 лет назад. Как можно исключить Европу их ареала, где он начал расходиться? Разве есть более надежные данные?*

С другой - что они там появились, расселились и размножились в неизвестные времена. Мы собираем по кубикам историю рода и его носителей. Для людей, не знакомых с темой, напомним, что А.А. Клесовым отмечена закономерность погребального обряда у носителей гаплогруппы R1a. Скорченко, мужчины на правом боку, женщины на

левом, хоронили представители культуры шнуrowой керамики (в т.ч. фатьяновская культура), андроновского круга, Синташты (неопределённый погребальный обряд: скорченно, вытянуто на спине, на животе, расчленённые - А. В. Епимахов, Н. А. Берсенева, 2012), срубной культуры (в основном на левом боку), вплоть до тех пор, пока кремация не вытеснила данные погребальные традиции. Эта закономерность позволяет нам надеяться, что и предки перечисленных культур пользовались теми же представлениями о похоронных обрядах. И именно эти наблюдения позволили нам ретроспективно рассмотреть Балканские культуры, первых земледельцев Малой Азии и, возможно, уйти дальше вглубь веков в районы Сибири-Азии, откуда, по мнению исследователей, мигрировала культура Дзёмон. Как видим, ни археологические данные, ни скурые лингвистические такому построению не противоречат.

В этой связи рассмотрим подробнее погребальные обряды балканских культур, точнее, балкано-карпатского металлургического комплекса. Воспользуемся данными Л.И.Авиловой (1984), которая в своей работе «Погребальный обряд земледельческих культур энеолита юго-восточной Европы» (1984) подготовила хороший статистический материал по этой теме. Прочитав основной вывод по скорченным погребениям: *«Преобладающая поза и положение погребенных - скорченно, на боку. В интрамуральных погребениях позы более разнообразны, чем в могильниках. Традиция скорченных на боку погребений земледельческих культур восходит к культуре Винча, Старчево-Кереш, Лендьел и резко отличает их как от вытянутых на спине погребений предшествующей эпохи степного и лесостепного неолита, так и от скорченных на спине погребений следующей по времени древнеямной культуры. Итак, складывается следующая картина: земледельческие культуры Юго-Восточной Европы в период энеолита обладают комплексом черт погребального обряда, присущих именно этим культурам и отличающих их от предшествующих и последующих культурных образований. Ряд этих черт, в том числе весьма специфических, появляется как бы в готовом виде и имеет точные аналогии в более ранних нео-энеолитических земледельческих культурах Передней Азии и Юго-Восточной Европы. Все это подтверждает связь ритуальной идеологической сферы с земледельческим укладом экономики»*. Как видим, наши предположения о происхождении и распространении «скорченного» обряда погребения вполне подтверждаются и мнением археологов.

Перечислим, какие же ещё разновидности погребального обряда встречены в балканских культурах:

\* вытянутая поза, встречается в гумельницких могильниках Варна и Девня;

\* расчленённые захоронения (чаще всего отделённые черепа, кисти рук, ступни ног) распространены во всех культурах региона и корнями уходящие в докерамический Иерихон и Чатал-Хююк;



\* Кенотафы. Во всех рассмотренных культурах, чаще всего Гумельницы и позднее Триполье (исследовательница считает кенотафы характерным обычаем для земледельческих культур, в отличие от нашего представления, кенотафы-могилы умерших воинов, погибших не на родине).

И, наконец, кремация. Кремация, по археологическим данным, возникает именно в Юго-Восточной Европе, на соседних территориях этот процесс неизвестен. Мы знаем о нахождении сожжений в халафской культуре 6-5 тыс до н.э. (Авилова, Массон), что вполне попадает в зону внутреннего развития религиозных воззрений населения Балканских культур. «В тисаполгарской и бодрокерестурской культуре, так же как и в предшествующей лендаелской, известны немногочисленные сожжения. В Триполье-В имеется ряд погребений по обряду кремации, а в период СП он является единственным в северном (Днепровском) регионе. Этот факт, наряду с сильными типологическими отличиями всего комплекса памятников софиевского типа, заставляет предполагать сложный путь формирования данной группы и не позволяет связывать их происхождение с классическим Трипольем по прямой линии». (Л. И. Авилова, 1984).

Если говорить о вытянутой позе, то нахождение её в некоторых культурах региона вполне объяснимо с точки зрения ДНК-генеалогии. Гумельница, где данная традиция объясняется преемственностью от более ранней культуры Хаманджии, находилась в контактной зоне со степняками Русской Равнины - хвалынцами (R1b). Известно, что медь, используемая хвалынцами, была гумельницкого происхождения. И позднее Триполье, где встречена поза «на спине скорченно» также находилась в контактной зоне с ямной археологической культурой.

Перечислим ещё ряд культур, располагающихся на азиатской территории, где скорченный обряд был распространён. Датировки этих культур чуть моложе исходных в Чатал-Хююке, поэтому мы связываем их с миграционными процессами с запада на восток. Это Анауские памятники Средней Азии, занимающие предгорья Копетдага. Датировки первого периода: начало 5-до середины 4 тыс до н.э. В Анау хоронили под полами домов, скорчено, на правом или левом боку, широко использовалась охра. В Закавказье в V – первой половине IV тыс. до н.э. развивается шулавери-шомутепинская культура. С ней связаны поселения – телли в среднем течении р. Куры (северный локальный вариант: Шулаверисгора, Храмис Дидигбра, Арухло в Грузии; Шому-тепе в Азербайджане) и в долине р. Араке (южный локальный вариант: Нахичеванское Кюль-тепе I, Аликемектепеси и другие в Азербайджане). Под полами домов и между домами встречаются одиночные погребения. Костяки лежат в скорченном на боку или на спине положении, иногда они посыпаны красной охрой.

Далее укажем одну из ярких индийских археологических культур - Мергар. Она относится в основном к 6 тыс до н.э., хотя некоторые исследователи «удревяют» её возраст. Захоронения находят между домами, в скорченной позе, охра так же используется, как и по всему азиатскому региону.

Говоря о самой ранней находке гаплогруппы R1a на Европейском континенте, оленеостровской (онежская культура), напомним: датировка 7500-7000 л.н., укажем, что там тоже встречается скорченное труположение. Культуру Оленьего острова нельзя назвать эталонной для миграции гаплогруппы R1a, там найдена также гаплогруппа J1 и несколько разновидностей митохондриальных ДНК (C1, U4). Судя по всему, в данной местности собирались охотники на морского зверя и рыболовы, представители разных родов и культур. Впоследствии им удалось образовать самобытную археологическую бескерамическую культуру. Вывод о разноплеменных насельниках Оленьего острова сформирован, в том числе, и на разнообразии погребального обряда. Здесь хоронили скорченно, на спине, сидя - это называют неопределённым погребальным обрядом, известным нам ещё с «мустьерских» времён.

Таким образом, подводя итоги главы, ещё раз подчеркнём, что скорченное труположение являлось основным для мест, откуда в эпоху бронзы началась миграция носителей R1a на Русскую Равнину. В этой связи стоит упомянуть и некоторые археологические культуры Кавказа (Триалети, Кобанская и др.), которые также использовали скорченное положение в своих погребениях. Это вполне укладывается в зону миграции (либо даже образования снипа R1a-Z93, прим. автора). А также в данном регионе мы встретили самые ранние свидетельства образования зороастрийских традиций и кремации.

2. Переходим к вытянутому труположению, как маркеру носителей гаплогруппы R1b. На эту тему достаточно много публикаций А.А.Клёсова. Подробно можно ознакомиться во многих статьях сайта Переформат, например в серии статей «Миграции ариев». Не будем повторяться. Напомним лишь, что сама гаплогруппа образовалась тоже около 20 тыс л.н. и мигрировала предположительно из южной Сибири через северный Казахстан (и среднюю Волгу) в Месопотамию и дальше через Египет и северную Африку на Пиренеи в виде носителей культуры колоколовидных кубков (ККК) расселилась по Западной Европе. Археологические культуры, где была найдена R1b: хвалынская, средне-волжская, ямная. И нигде в ходе миграции не найдено оснований, что у них были ИЕ языки, зато везде - вытянутое труположение и предположения об агглютинативных языках.

Есть ещё одна небольшая особенность. Там, где на керамике встречен прямой крест, называемый мальтийским, там находят гаплогруппу R1b, а там, где свастика, или изогнутый крест, - там почти везде R1a (по Трипольской культуре нет пока палео-данных). Нельзя не заметить, что христианство впитало в себя как прямой крест, так и вытянутое трупоположение. Что вполне объяснимо присутствием «эрбинов» как в древних шумерских и египетских пластах (у фараона Тутанхамона выявлена R1b) , так и в среде первых распространителей данной религии. Это положение нельзя на данном этапе причислить к подтверждённым. Пока имеется слишком мало данных, способных эту теорию опровергнуть либо провозгласить. Регионы, где керамика содержала мальтийский крест, а самое раннее - это керамика типа Самарры (6 тыс до н.э.) относится к перекрёстным зонам, где в разное время могли протекать миграции как R1a, так и R1b. Культура Самарры, также как и Хассуны, предполагает скорченные погребения, в отличие от более поздних убейдских. Поэтому на фоне отсутствия палеоданных конкретных археологических культур выводы преждевременны. Мы выделяем данный факт для дальнейшего набора статистических, либо палео-данных.

В ходе подготовки статьи было замечено, что вытянутое трупоположение встречается не только у носителей R1b, но и у большинства народов, которое имеют сибирско-азиатские корни. Именно этот факт и хотелось бы раскрыть в нашем исследовании. Так как миграции носителей R1a из сибирского региона имеют более ранние датировки, вероятно, основными насельниками этой огромной территории стали эрбины (носители гаплогруппы R1b). И они остались до современных дней, если говорить о тюркских и кавказских народах.

Если очертить времена, близкие к современности, когда складывались этносы, народности и языки, данный регион можно условно разделить на угорскую зону, китайскую и собственно тюркскую. Все они имеют разную степень родства, и генетического плана, и лингвистического. И опять же здесь отсутствуют ИЕ языки. Сделаем акцент на том, что сейчас мы говорим концептуально. Например, гаплогруппа N1a присутствует и у китайцев, и у угорских народов, и у тюркских. И вытянутое трупоположение характерно для перечисленных зон с самых давних пор. Мы сейчас мало что знаем о культурных и лингвистических особенностях древних эрбинов. В отличие от ведических ариев, они не сохранили о себе ни письменных, ни устных памятников. И, возможно, вытянутое трупоположение - это единственная ниточка, которая указывает на существование в древности культурных особенностей носителей R1b.

Если обратиться к лингвистике, то агглютинативные языки как раз покрывают вышеперечисленную зону контактов. Приведём цитату из

Википедии: «Агглютинативными являются тюркские, некоторые финно-угорские, монгольские, тунгусо-маньчжурские, корейский, японский, грузинский, баскский, абхазо-адыгские, нахско-дагестанские, бурушаски, дравидийские, часть индейских и некоторые африканские языки. К агглютинативным языкам относился также и язык древних шумеров». И, кстати, труположение убейдской культуры, которую относят к протошумерской, резко меняется на вытянутое от скорченного в предшествующие времена Самарры и Хассуны. В.М. Массон в книге «Первые цивилизации» связывает этот факт с приходом нового населения, что вполне укладывается и в нашу версию.

На первый взгляд, подобные утверждения покажутся надуманными, но давайте посмотрим на распространение вытянутого труположения. Весь Сибирский регион, точнее, предки угорских народов, в основном носители N1a, хоронили «вытянуто» на глубину, на которую может опуститься взгляд археолога (исключая зоны распространения культур андроновского круга). Здесь тоже существовали вариации, такие, как надземный погребальный обряд (чаще связываемый с шаманскими традициями). Но всё же носители ананьинской культуры принесли на Русскую равнину именно вытянутое труположение.

Культура каменных могильников (ящики и оградки) Эстонии, самые архаичные его варианты середины 1 тыс до н.э., имела вытянутое труположение на спине. Только с начала первых веков нашей эры там распространилась кремация. На сегодняшний момент носители данной культуры пока не идентифицированы, но именно они претендуют на роль проникновения в Прибалтику представителей N1a, так как совпадают и датировки, и вектор миграции (исходн. Зона – Русская равнина), и что самое главное – особенности погребального обряда.. Примерно в то же время (10 век до н.э.) на территории Монголии мы встречаем культуру плиточных могил, в которой покойников хоронят также на спине. Китайские похоронные традиции – также вытянуто на спине. Постепенно в ходе своей экспансии на Запад, в регионы Средней Азии (Китайский Туркестан), китайцы принесли свои традиции и распространили их на местное население во времена образования и функционирования «шелкового пути». Хотя, скорее всего, и до китайского влияния местные народы хоронили своих умерших так же.

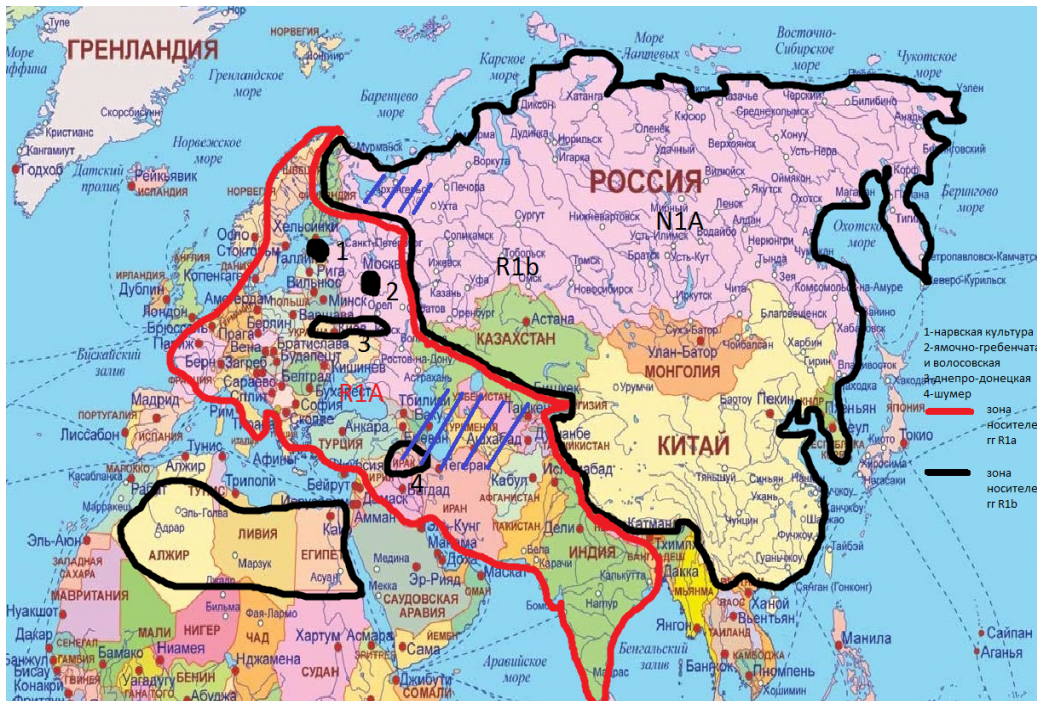
*«В промежутке с 2-4 вв. нашей эры в оазисах Ния и Лолань хоронили в деревянных гробах в спинном положении вытянуто. В 1900 году А.Стейн и С.Гедин обнаружили в Лолани тело со «светлыми волосами», а еще одно украшали рыжие усы, прекрасно сохранившиеся в предельно сухом климате. Они заметили, что данные мумифицированные тела по виду не принадлежат ни китайцам, ни индийцам. Все последующие раскопки принесли тела людей с белой кожей, светлыми волосами и ростом около 1,8 м. По всему видно, что первые обитатели царства Крораина, как и многие другие народы, населяющие*

*Среднюю Азию, изначально пришли откуда-то с Иранского нагорья» (В.Хансен, 2014).*

На спине хоронили по всему древнему маршруту следования носителей R1b (археологические культуры 6-5 тыс. до н.э. Средней Азии и Поволжья: хвалынская, ботайская, самарская, большинство культур Кавказа, в Шумере (Убейд), а шумерский язык, по мнению Ю. Опперта, близок к турецкому, венгерскому и финскому; а также в Египте). И, лишь попав на территорию Европы, эрбины в составе ККК стали хоронить скорчено. И это вполне объяснимо, так как вытеснив местные Y-линии, восприняли многие местные традиции через женщин. Митохондриальные группы, найденные в ККК: W, I1a1, K1, T1, T1a, T2, U2, U4, U5, H, H4, H5. От себя могу добавить ещё и «свою» митогруппу J, правда, не во времена культуры колоколовидных кубков.

Население Хараппы и Мохенджо Даро тоже хоронили на спине в вытянутом положении. И даже в культуре Дзёмон к 3 тыс до н.э. перешли на спинное вытянутое положение. Можно подытожить наши картографические данные. Выделив высокое развитие вышеперечисленных археологических культур средней Азии и Поволжья 6-5 тысячелетий до н.э., в которых обнаружены носители R1b, мы можем говорить о культурном влиянии, распространяющемся на соседние территории и заселяющие их народы. В результате погребальная традиция ингумации в вытянутом положении стала территориальной, и была воспринята последующими группами неродственного населения. А впоследствии перенесена ими на другие территории.

Для лучшей наглядности восприятия материала мы составили карту. На территории Волго-Окского региона определилась зона вытянутого погребального положения. На достаточно резко очерченной территории (в основном московско-владимирской областей) так хоронили представители ямочно-гребенчатой культуры, а затем и волосовской. В других регионах представители данных культур хоронили и в скорченной позе (Перзеев, 2012). Возможно, здесь сказывается влияние днепро-донецкой культуры, которая в свою очередь продолжила вытянутую традицию Гумельниц. Теперь мы знаем о выделении гаплогруппы R1b в нарвской археологической культуре Прибалтики. Этот факт также может объяснять вытянутое положение некоторых европейских археологических культур гаплогруппы R1a, таких как днепро-донецкая и ЧАСТЬ волосовской и ямочно-гребенчатой общности.



Границы археологических культур выполнены условно, так как занимают разные временные промежутки. Чёрным цветом отмечена зона распространения вытянутого труположения, красным - скорченного. Синие линии отмечают зоны смешанного влияния, которыми во все времена являлись районы средней Азии и Кавказа.

Результаты картографирования весьма наглядны, здесь мало что можно добавить. Учитывая, что карта составлена по археологическим данным, можно делить красную и чёрную зону вдоль, можно по диагонали. Единственно, что невозможно в данном случае - это их совместить. Мы говорим о миграции двух разных гаплогрупп, мы говорим о миграции ПИЕ и не-ПИЕ языков, агглютинативных и флективных систем, мы говорим о распространении двух разных погребальных традиций. Гаплогруппа не является этнообразующим фактором, хочется подчеркнуть этот момент. Мы не говорим о формировании этносов. Мы даже не можем утверждать, что носители этих двух братских гаплогрупп имели разное миропонимание. Возможно, оно было одинаковым на своём раннем этапе развития и отделения от предков. И крест, как древний символ, сохранившийся у тех и у этих, служит лишь подтверждением их родства. Возможно, именно восприятие разных групп языков окончательно разделило мир носителей гаплогрупп R1b и R1a. Но факт их взаимного «избегания» налицо. Как 9 тысяч лет назад, так и на современной «гаплогруппной» карте мира.

## *Список литературы*

Л.И. Авилова. Погребальный обряд земледельческих культур энеолита юго-восточной Европы, диссерт., 1984.

Т.И. Алексеева. Неолитическое население лесной полосы Восточной Европы. В сб.: Неолит лесной полосы Восточной Европы (Антропология Сахтышских стоянок), М., 1997.

Археология: Учебник / Под редакцией академика РАН В.Л. Янина. – М.: Изд-во Моск. ун-та, 2006.

Берни Ч., Лэнг Д.М. Древний Кавказ. От доисторических поселений Анатолии до христианского царства раннего Средневековья./Пер с англ. Л.А.Игоревского. М., 2016.

Р.Я. Денисова. Проблема наличия монголоидного компонента в составе древнего населения Восточной Европы. В сб.: Неолит лесной полосы Восточной Европы (Антропология Сахтышских стоянок), М., 1997.

А. В. Епимахов, Н. А. Берсенева. Вариативность погребальной практики синташтинского населения (поиск объяснительных моделей). Вестник НГУ, том 11, выпуск 3, 2012.

Крайнов Д.А., Хотинский Н.А., Верхневолжская раннеолитическая культура, "Сов. археология", 1977, №3.

М. Г. Косменко. Проблемы изучения этнической истории бронзового века – раннего Средневековья в Карелии, В сб.: Проблемы этнокультурной истории населения Карелии (мезолит-средневековье) Петрозаводск, 2006.

А.А. Клёсов. Миграции ариев от 6000 до 3000 лет назад. Как их видит днк-генеалогия, археология и лингвистика. Часть 1. Вестник Академии ДНК-генеалогии Proceedings of the Academy of DNA Genealogy Moscow-Boston Volume 9, No. 1 April 2016.

А.А. Клёсов. Миграции ариев от 6000 до 3000 лет назад. Как их видит днк-генеалогия, археология и лингвистика. Часть 2. Вестник Академии ДНК-генеалогии Proceedings of the Academy of DNA Genealogy Moscow-Boston Volume9, No. 2 June 2016.

Клёсов А.А. Миграции ариев по данным ДНК-генеалогии. Исторический формат, №2, 2016

С. Н. Лисицын. Финальный палеолит и ранний мезолит Днепродвинско-Волжского междуречья, 2000.

В.М. Массон. Первые цивилизации. М.: Наука, 1989.

Н.И. Перзеев. О прародине угро-финнов, 2012.  
<http://www.balto-slavica.com/forum/index.php?&showtopic=..>

И.Л.Рожанский. Откуда мы пришли? Кто мы? Куда мы идем? 2015.  
<http://pereformat.ru/2015/10/otkuda-my-prishli/>

В.Ф. Филатова. Вопросы происхождения и этнокультурной принадлежности населения эпохи мезолита. В сб.: Проблемы этнокультурной истории населения Карелии(мезолит-средневековье) Петрозаводск 2006.

Хансен Валери. Великий шелковый путь. Портовые маршруты через Среднюю Азию. Китай-Согдиана-Персия-Левант/Пер с англ. С.А.Белюсова.-М.,2014

Цветкова Н. А. Периодизация и культурная история Волго-Окского неолита. Российский археологический ежегодник (№4, 2014).



## ТАТАРСКИЙ ПРОЕКТ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

Академия ДНК-генеалогии готовит Татарский Проект, который в сжатом изложении звучит следующим образом (<http://dna-academy.ru/projects/>):

Проект ставит своей целью идентификацию ДНК-генеалогических линий основных групп татар Российской Федерации – казанские, астраханские, сибирские, крымские, касимовские, пермские, мишари, тептяри (башкирские), кряшены (волго-уральские), нагайбаки (челябинские) и другие, а также также польско-литовские татары, и выявление их предположительных общих предков по гаплогруппам. Также – выяснение ДНК-генеалогических связей татар с булгарами.

Реализация самого Проекта может проводиться двумя путями – или постепенно, «самоходом», по мере поступления заказов, в том числе татар, в московскую Лабораторию ДНК-генеалогии, или путем поддержки Проекта правительством республики Татарстан, и фактически создания собственного правительственного мультидисциплинарного Проекта, в котором ДНК-генеалогия займет важную роль, с участием историков, лингвистов, этнографов, антропологов, генетиков, политиков, старейшин из Республики.

В качестве подготовки к этому Проекту рассмотрим наши «активы». Начнем со статьи И.Л. Рожанского по ДНК-генеалогии литовских татар. Статья недавно была опубликована в журнале Исторический Формат (№4, 2016).

# ЛИТОВСКИЕ ТАТАРЫ. ДНК-РОДОСЛОВНЫЕ И ИХ КОРНИ В СТЕПЯХ ЕВРАЗИИ

**И.Л. Рожанский**

**Академия ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония)**

**igorrozhanskii@gmail.com**

Анализ репрезентативной выборки данных Y-ДНК литовских татар позволил заключить, что (i) не менее 2/3 от ее представителей ведут свой род от народов, населявших степную часть Золотой Орды, говоривших на кыпчакских языках и представлявших в основном различные ветви гаплогрупп R1a, J2, Q1a и R1b; (ii) принципиальные генеалогические линии литовских татар восходят к скифским племенам, заселявшим в эпоху железа зону евразийских степей; и (iii) возникновение кыпчакской ветви тюркских языков может быть связано с тюркизацией одной из групп скифских по происхождению племен, как можно судить по преобладанию ветвей одного и того же субклада R1a-Z2125 среди всех без исключения народов этой группы. Последний тезис предполагает критический пересмотр и модификацию существующих моделей этногенеза кыпчаков. Ключевые слова: Литовские татары, Литва, татары, ДНК, кочевники.

## **THE LITHUANIAN TATARS. DNA ANCESTRY TRACED TO THE EURASIAN STEPPES**

**Igor Rozhanskii**

**Academy of DNA-Genealogy (Tsukuba, Japan)**

Analysis of the representative Y-DNA dataset of the Lithuanian Tatars has led to the conclusions that (i) at least 2/3 of its members descend paternally from the inhabitants of the steppes belt of the Golden Horde, who spoke Kipchak languages and belonged to various branches of haplogroups R1a, J2, Q1a and R1b; (ii) the principal Y-DNA lineages of the Lithuanian Tatars originate from the Scythian tribes, who occupied a zone of Eurasian steppes during the Iron Age; and (iii) a formation of the Kipchak group of the Turkic languages can be assigned to the language shift to Turkic for certain Scythian tribes, as it follows from the dominance of closely related branches of R1a-Z2125 subclade among all Kipchak-speaking peoples. The latter proposal presumes the critical re-evaluation of existing models of Kipchak ethnic history. Keywords: Lithuanian Tatars, Lithuania, Tatars, DNA, nomads.

В центре Европы, в окружении белорусов, поляков и литовцев живет небольшой (около 12 тысяч человек) народ, фактом своего существования ломающий общепринятые определения этнологии. Это литовские (они же польско-литовские) татары, ничем по образу жизни и внешности не отличающиеся от соседей, утратившие свой исходный тюркский язык более 400 лет назад, а затем в значительной мере отошедшие от своей веры (ислама суннитского толка), но сохранившие национальное самосознание и память о своих корнях. По многочисленным документальным данным, они – потомки уроженцев Золотой Орды, переходивших на службу в Великое Княжество Литовское (ВКЛ) преимущественно в конце XIV – начале XV веков. Полки легкой татарской конницы оказались ценным дополнением к тяжеловооруженной кавалерии, составлявшей основу польско-литовской армии той эпохи. Это далеко не единственный случай, когда кочевники из евразийских степей переходили на службу к европейским монархам и селились на территории их стран, но только литовским татарам удалось не раствориться среди окружавших их народов и сохранить свою национальную идентичность. Этот феномен привлекал внимание историков, начиная со времен, когда некоторые хронисты пытались оправдаться в поражении Тевтонского Ордена в Грюнвальдской битве тем, что немецким рыцарям якобы противостояли неисчислимые татарские орды.

Хотя история отдельных литовско-татарских шляхетских родов известна по документам, начиная с перехода их предков на литовскую службу, в целом сохранилось мало сведений о том, из каких мест обширного степного региона происходили предки литовских татар и к каким народам принадлежали. Для решения этой загадки недавно стали привлекать данные популяционной генетики, как собранные в ходе полевых исследований (Pankratov 2016), так и полученные на коммерческой основе в рамках Lithuanian Tatars Nobility Project (Думин 2016). Обе работы отмечали вклад Y-хромосомных линий центрально- и восточноазиатского происхождения, но расходились в оценке доли этого вклада, а также в происхождении других генеалогических линий.

Однако в этой проблеме есть еще один аспект, что может представлять интерес не только для узких специалистов по ВКЛ, но и для всех историков-медиевистов. В силу довольно ранней изоляции от родственных им степных народов литовские татары должны были во многом сохранить тот набор генеалогических линий, что существовал в степной части Золотой Орды времен ее возникновения и расцвета. Поскольку переселение татар в ВКЛ было довольно массовым, на уровне нескольких тысяч профессиональных военных, то генеалогические линии их потомков можно считать «зондом», зафиксировавшим их состояние на момент миграции. В свою очередь, их анализ предоставляет независимые данные при реконструкции этнического

состава и происхождения народов, в значительной степени определявших ход истории Восточной Европы и Северного Кавказа в X-XV веках. Несмотря на большой объем имеющегося исторического и лингвистического материала, на многие вопросы по этой теме до сих пор нет однозначных ответов. В частности, нет по-настоящему убедительной теории этногенеза кыпчакских народов, языки которых за короткое по историческим меркам время вытеснили все остальные, что были в ходу на территории Великой Степи. В настоящей работе будет проведен анализ доступных на сегодняшний день данных по Y-ДНК литовских татар с целью дать дополнительный материал для решения перечисленных выше проблем.

В качестве исходного материала использовались две независимые выборки. Первая была собрана на условиях анонимности в Белоруссии среди людей, предки которых до 3-го поколения были литовскими татарами. Это 74 гаплотипа в 17-маркерном формате Yfiler (Pankratov 2016). Вторая выборка, опубликованная на проекте Lithuanian Tatars Nobility, состоит из 42 гаплотипов в форматах от 12 до 111 маркеров. Администраторы проекта персонально отобрали участников с подтвержденным литовско-татарским происхождением, а также сделали доступными их фамилии. Всего их насчитывается 32, причем не все однофамильцы оказались близкими родственниками по результатам тестов на Y-ДНК, и, наоборот, линии с недавним общим предком, как правило, состояли из участников с разными фамилиями. Поскольку одно из принципиальных условий отбора образцов, а именно отсутствие близкого родства, не контролировалось в коммерческом ДНК-проекте, то необходима дополнительная проверка, насколько правомерно ее использование для поставленной задачи. В качестве критерия можно использовать распределение гаплотипов по гаплогруппам. Если их доли окажутся одними и теми же в пределах погрешности, то обе выборки можно считать равнозначными по репрезентативности и соответствующими принципу случайного отбора. Статистика приведена ниже.

Гаплогруппа	По данным Pankratov, 2016, число человек	По данным Проекта Lithuanian Tatars Nobility, число человек
G2a	3	4
I2a2	1	0
J1	4	1
J2	15	8
N	2	2
Q	6	6
R1a	36	17
R1b	7	4
Всего	74	42

В обеих выборках присутствует один и тот же набор гаплогрупп, причем для наиболее представленной в них R1a относительные доли равны 50% и 40%, соответственно. Вторая по численности гаплогруппа J2 дает по 20% в обеих, а некоторый разброс в минорных линиях находится в пределах статистической погрешности. Критерий проверки можно считать выполненным, а это позволяет провести совместный анализ обеих выборок как единого целого. Суммарное количество в 116 образцов Y-ДНК дает плотность тестирования 1 к 500 для этнической группы численностью около 12 тысяч человек. Это высокий показатель, превосходящий данные из многих работ популяционных генетиков, что принято считать «классическими». При анализе выборки литовских татар в исследовании популяционных генетиков из Белоруссии (Pankrftov 2016) привлекались также данные по Y-ДНК других тюркоязычных народов: ногайцев, казанских татар, азербайджанцев, чувашей, и др. Эти данные также будут использоваться, по мере возможности.

Прежде всего, следует рассмотреть статистику по основным гаплогруппам и субкладам в выборке литовских татар и сопоставить ее с данными по релевантным народам. Она представлена в графической форме на рис. 1, где для литовцев, поляков, украинцев и казахов источником послужили проекты, доступные на сайте Family Tree DNA (<https://www.familytreedna.com/projects.aspx>), а для белорусов (Рожанский 2013), крымских татар (Муратов 2016) и киргизов (Di Cristofaro 2013) – опубликованные полевые выборки.

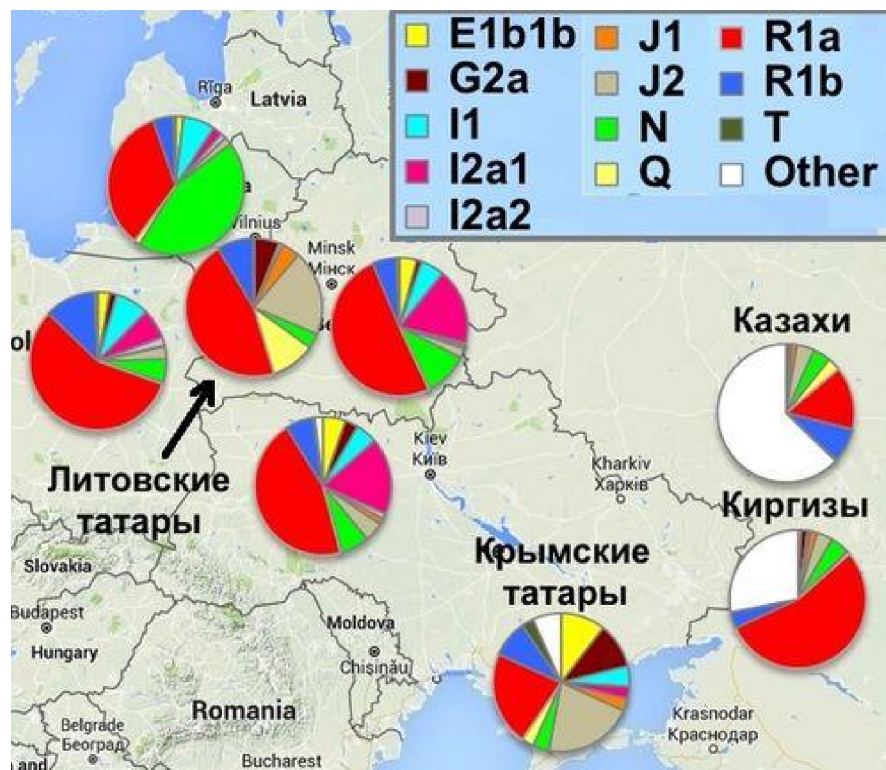


Рис. 1. Распределение 12-ти основных гаплогрупп и субкладов Европы в выборках литовских татар, окружающих их народов и народов степной зоны Евразии

Если подходить к полученной статистике формально, то литовские татары займут промежуточное положение между восточными славянами и тюркскими народами, как это и было заявлено по результатам анализа по принципиальным компонентам (ПКА) в статье популяционных генетиков (Pankratov 2016, Supplementary Fig. 1). Авторы сделали вывод, что «результаты ПКА указали на смешанное происхождение патрилинейного пула у литовских татар, так как он содержит гаплогруппы, типичные для Кавказа, Средней Азии и Сибири, наряду с теми, что в настоящее время обычны у европейцев». Чтобы понять, так ли это в действительности, и какова реальная степень смешения Y-хромосомных линий, следует применить не усредняющий всё и вся ПКА, а методы ДНК-генеалогии. Предваряя анализ, следует обратить внимание, что в имеющейся выборке литовских татар отсутствуют представители восточноазиатских гаплогрупп C2-M217 и O-M175, которые помещены в категорию «прочие» на рис. 1 и составляют заметную долю у казахов и киргизов. Этот факт понадобится при последующем обсуждении.

Почти половина литовских татар из совместной выборки принадлежит к гаплогруппе R1a, представленной субкладами Z2125, M458 и Z280. Распределение 17-маркерных гаплотипов по ветвям приведено на рис. 2.

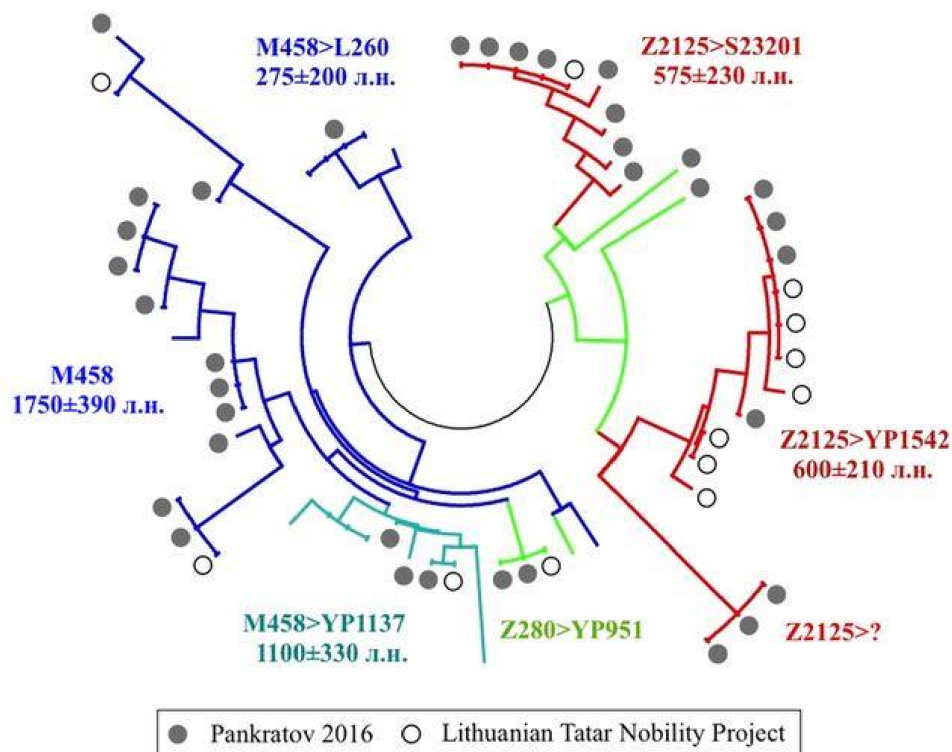


Рис. 2. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из гаплогруппы R1a. Не маркированы гаплотипы ногайцев и волжских татар, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Как следует из структуры дерева, одни и те же ветви присутствуют в обеих выборках, причем у семи участников проекта Lithuanian Tatar Nobility обнаружили точные совпадения по общим маркерам с гаплотипами, собранными на условиях анонимности в Белоруссии. Это обстоятельство позволило уточнить отнесение нескольких линий из полевой выборки, которую типировали только на 26 снипов.

Азиатский субклад Z2125 представлен двумя ветвями, времена жизни предков которых соответствуют времени возникновения литовских татар как отдельной этнической группы. Группа из 11 гаплотипов в правой части дерева принадлежит к ветви YP1542, широко распространенной у киргизов и алтайцев. Ее базовый 17-маркерный гаплотип расходится на 2 мутации с базовым гаплотипом основной ветви киргизов из полевой выборки (Di Cristofaro 2013), начало роста которой датируется 1400±300 годами назад:

Литовские татары	13 25 15 11 11 14 10 14 11 32 15 14 21 12 15 11 23
Киргизы	13 25 <b>16</b> 11 11 14 10 14 11 32 15 14 21 12 <b>16</b> 11 23

Соседняя с ней группа из 9 гаплотипов относится к очень редкой ветви S23201, носители которой найдены у венгерских секлеров, молдаван,

русских, украинцев, казанских татар, чеченцев, а также на Британских Островах. Из-за малого числа гаплотипов и больших дистанций между ними время жизни предка родительской ветви можно оценить лишь приблизительно как  $3500 \pm 1000$  лет назад. Их базовые гаплотипы, соответственно:

Литовские татары	13 23 17 11 11 14 11 14 11 32 16 14 20 12 16 11 23
R1a-S23201	13 23 17 11 11 14 <b>10</b> 14 11 32 16 14 20 12 16 11 23

Обе ветви принадлежат к субкладу S23592, что является параллельным к хорошо изученному Z2123, широко распространенному на Индийском субконтиненте и у ряда тюркоязычных народов. Следует также отметить, что родительская ветвь S23592 была определена в образце ископаемой ДНК под кодовым номером RISE495 из Красноярского края, отнесенном к Карасукской культуре бронзового века (Allentoft 2015; В. Таганкин, частное сообщение). Таким образом, не вызывает сомнений факт, что обе рассмотренные линии литовских татар восходят к народам, заселившим восточную часть евразийских степей со времен бронзы в ходе миграций ариев.

Однако степные ветви гаплогруппы R1a уступают по представленности в данной выборке центрально-европейскому субкладу M458, что дало основание авторам статьи в Scientific Reports сделать вывод о смешанном происхождении Y-хромосомных линий литовских татар. При всей очевидности подобного утверждения, оно вступает в противоречие с рядом фактов. Во-первых, на дереве 17-маркерных гаплотипов можно выделить две компактные ветви, которые сходятся к датировкам, существенно превышающим время появления татарских поселений в ВКЛ. Если бы они возникли в результате смешения с окружающим славянским населением, то либо времена жизни их предков были порядка 600 лет назад и позднее, либо они были бы близки к датировкам этих ветвей у славян, то есть около 2300-2700 лет назад. Во-вторых, образец Blt27 в верхней части диаграммы находится в близком родстве с караногайцами из Дагестана и волжскими татарами, никак не связанными с Белоруссией. С этой группой из 5 гаплотипов совпадает по общим маркерам группа из трех казанских татар с татарского проекта FTDNA, общий предок которых жил  $400 \pm 170$  лет назад, и у которых подтверждена западнославянская ветвь L260. Очевидно, все они происходят от предка-татарина, дальнейшая родословная которого пока неизвестна. В-третьих, то же самое можно сказать о группе из литовских татар, караногайцев, кубанского ногайца и волжского татарина в нижней части диаграммы. Для одного из ее представителей была определена следующая цепочка снипов: M458 > PF7521 > CTS11962 > L1029 > YP417 > YP418 > YP1137.



Согласно данным с гаплогруппного проекта FTDNA, родительская к YP1137 ветвь YP418 выделяется из всей центрально-европейской ветви (CTS11962) тем, что она крайне редко встречается у западных славян, но доминирует у русских, украинцев и болгар, среди которых, в свою очередь, мала доля других ветвей. Как и в случае с «татарской» линией L260, предок этой ветви также, очевидно, принадлежал к одному из тюркоязычных народов. Наконец, сценарий с недавним переносом линий субклада M458 от белорусов к литовским татарам вступает в противоречие с необычной «избирательностью» такого переноса. Ветви субклада M458, прежде всего центрально-европейская, широко распространены у белорусов, но их доля (около 15%) уступает субкладу R1a-Z280 (35%) и сопоставима с вкладами ветвей N1c-L1025 и I2a-CTS10228. В выборке литовских татар на 19 гаплотипов R1a-M458 приходится 5 R1a-Z280, один или два N1c-L1025 и ни одного I2a-CTS10228. В популяционной генетике подобный дисбаланс принято объяснять «эффектом основателя», но это объяснение сродни хрестоматийному «веревка есть веревка простое». Следует искать трактовку, не страдающую трюизмами и натяжками.

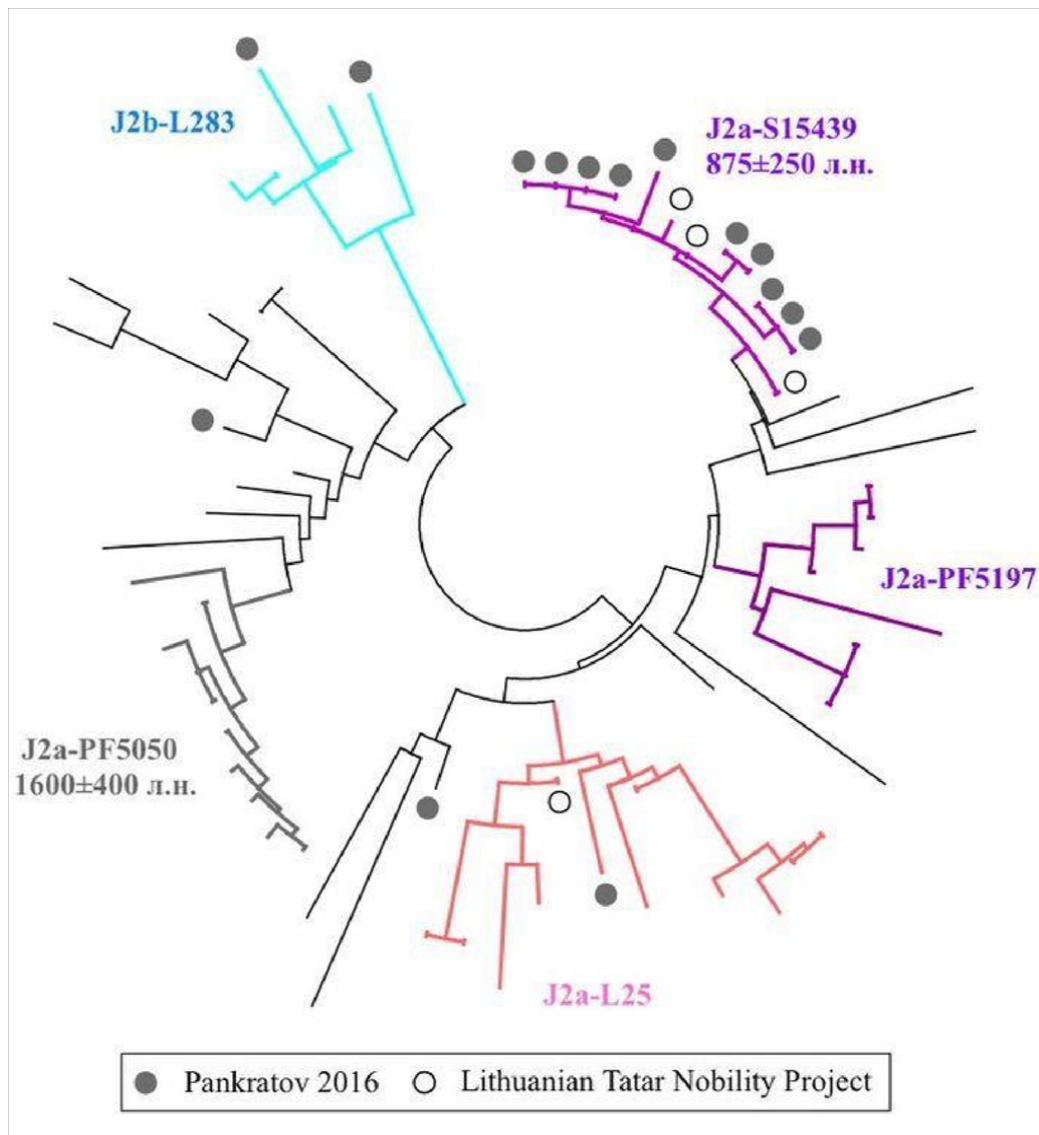


Рис. 3. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из гаплогруппы J2. Не маркированы гаплотипы ногайцев, волжских татар, мордвы, марийцев, чувашей и башкир, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Вторая по представленности гаплогруппа в выборке – J2-M172. Ее существенная доля (23 из 114 гаплотипов), очевидно, внесла основной вклад в расчет методом ПКА, сблизившим литовских татар с народами Северного Кавказа. Однако прямолинейный подход здесь неприемлем, поскольку гаплогруппа J2 расходится на десятки далеко отстоящих ветвей, многие из которых не имеют отношения к Кавказу. В цитируемой работе (Pankratov 2016) вопрос об отнесении к той или иной ветви гаплогруппы J2 фактически был вынесен за скобки, что обесценивает сделанные авторами выводы. Видимо, чтобы как-то скомпенсировать этот недостаток, при рассмотрении гаплогруппы J2

авторы привлекли большое количество гаплотипов, найденных у других народов: ногайцев, волжских татар, мордвы, марийцев, чувашей и башкир. Сводное дерево для всей многонациональной выборки приведено на рис. 3.

Вопреки графикам популяционных генетиков, у литовских татар практически не оказалось ветвей, характерных для Северного Кавказа. В левой и в нижней частях диаграммы находятся 6 разрозненных гаплотипов, относящихся, согласно оценке, к субкладам J2b-L283, J2a-PF5197, J2a-M67 и J2a-L25. Отнесение четырех 12-маркерных гаплотипов с проекта Lithuanian Tatar Nobility, не включенных в дерево, неясно, за исключением одного, идентифицированного как J2a-L192. Остальные 13 гаплотипов формируют компактную ветвь с предком, жившим в эпоху гегемонии кыпчаков в евразийских степях. Эта генеалогическая линия стоит особняком среди других представителей гаплогруппы J2 в Восточной Европе, поскольку она не относится ни к одному из характерных для нее субкладов L283, M67 и L25. По результатам анализа J-M172 SNP Pack для нее определена такая последовательность снипов: L26 > PF5087 > Z2221 > PF5197 > PF5172 > PF5191 > FGC16096 > S15439. На проекте гаплогруппы J2 (<https://www.familytreedna.com/groups/j2-m172/about>) зарегистрировано всего 3 участника с подтвержденным снипом S15439, для 9 участников определен эквивалентный ему L198, еще для 6 гаплотипов подтвержден находящийся выше по иерархии FGC16096. Остальные представители этих ветвей были включены администраторами проекта по сходству протяженных гаплотипов. Структура и география ветви FGC16096 представлена на следующей схеме (рис. 4).

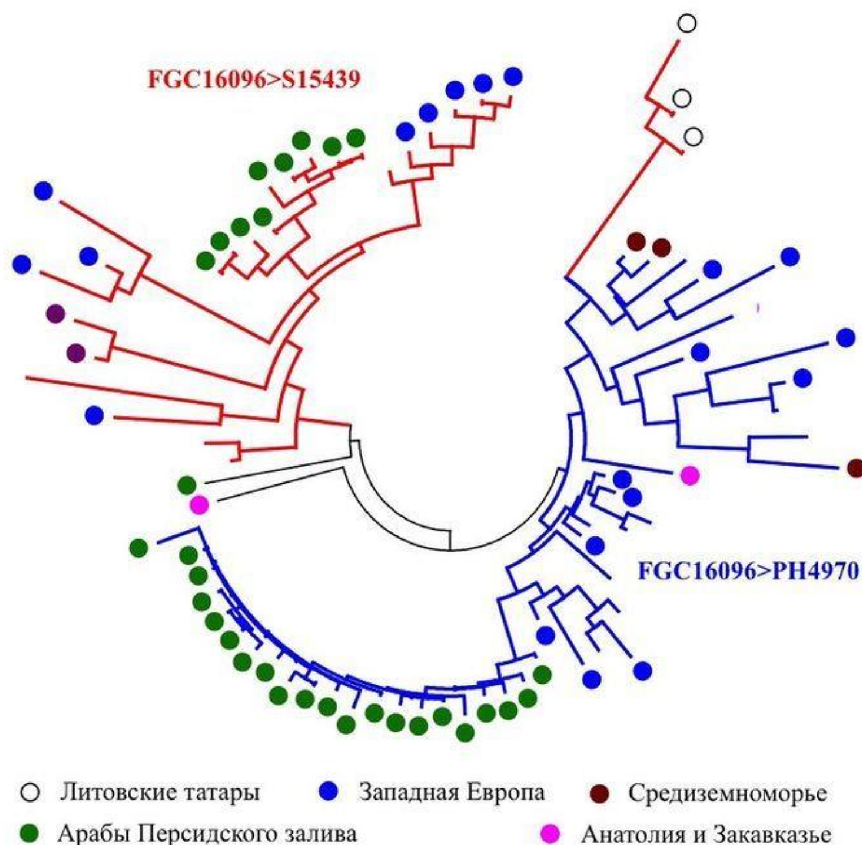


Рис. 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов субклада J2-FGC16096

Можно оценить, насколько далеко расходятся три компактные линии ветви S15439 из Саудовской Аравии ( $1000 \pm 200$  лет до предка), Швейцарии ( $875 \pm 210$  лет) и Литвы ( $850 \pm 260$  лет). Вот их базовые 37-маркерные гаплотипы, в той же последовательности:

12 23 14 10 13-15 11 13 12 13 11 29 15 9-9 11 11 26 15 20 29 13-13-15-15 11 10 19-22 14 14 16 16 34-38 11 9

12 23 14 10 14-15 11 13 13 13 11 29 15 9-9 11 11 26 15 19 30 13-15-16-16 10 11 19-22 15 14 17 15 35-38 11 9

13 23 14 10 13-18 11 15 13 14 11 30 17 9-9 12 11 24 15 21 32 14-15-16-16 11 11 19-22 15 13 16 17 34-34 12 9

Они образуют треугольник со сторонами в 31, 29 и 14 мутаций, где короткая сторона соответствует дистанции между арабской и швейцарской группой. Это означает, что литовско-татарская ветвь разошлась с другими 7300 лет назад или ранее. Поскольку она принадлежит к субкладу J2a-PF5197, что является специфическим для Передней и Южной Азии, то в качестве наиболее вероятных вариантов

можно рассматривать Среднюю Азию и примыкающий к ней пояс степей.

Остальные гаплогруппы, найденные в выборке литовских татар, заметно уступают по численности R1a и J2, но среди них также есть ряд линий, которые могут дать информацию о месте происхождения этой этнической группы. Они представлены в графической форме на рис. 5.

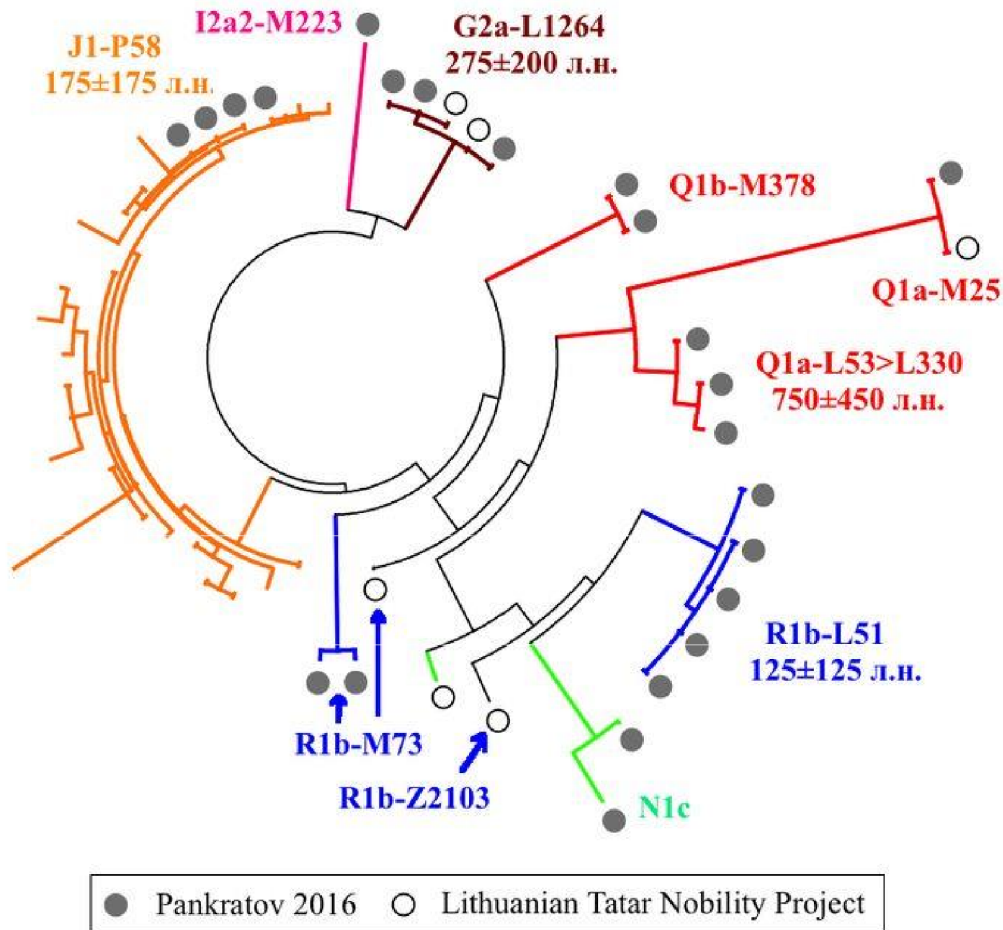


Рис. 5. Дерево 17-маркерных гаплотипов литовских татар из минорных гаплогрупп. Не маркированы гаплотипы армян и азербайджанцев, добавленные из списка в (Pankratov 2016).

Ветви гаплогрупп Q, R1b-M73 и R1b-Z2103, отмеченные на рис. 5, встречаются у многих народов Великой Степи, а потому их появление у литовских татар вполне закономерно. Любопытно, что все три представителя субклада R1b-M73, по-видимому, принадлежат к той же самой ветви, что была идентифицирована в останках знатных монголов времен Монгольской Империи и произвела сенсацию у не слишком знакомых с предметом журналистов (Lkhagvasuren 2016).

Происхождение молодой линии из ветви G2a-L1264 не столь очевидно. Если буквально трактовать статистику по современным народам, то эту линию следовало бы отнести к недавним мигрантам с Северного Кавказа, поскольку ветвь L1264 является одной из основных генеалогических линий адыго-абхазских народов, а также распространена в Грузии. Однако, находки гаплогруппы G2 (субклад не определялся) в захоронениях донских алан VIII века н.э. показывают, что за 600-700 лет до переселения татар в ВКЛ эта гаплогруппа была представлена на территории будущей Золотой Орды (Афанасьев 2015). О том же косвенно свидетельствует география ветви G2a-L1264 за пределами Кавказа. Она рассеяна с низкой частотой среди восточных славян, татар и евреев-ашкенази, что больше согласуется с ранним степным происхождением этих редких линий, чем с относительно недавней миграцией с Северного Кавказа. Гаплогруппа N представлена в выборке всего тремя гаплотипами, из которых один принадлежит к распространенному у тюркских народов субкладу R43. Отнесение двух других неясно из-за низкого разрешения. О происхождении единственного носителя редкой для Восточной Европы гаплогруппы I2a2-M223 сложно делать какие-либо выводы.

Наконец, остаются две группы, состоящие из близких родственников, для которых маловероятно как степное, так и славянское происхождение. Первую, из гаплогруппы J1-P58, авторы цитируемой статьи попытались вывести с Кавказа, руководствуясь, видимо, расчетом ПКА. Поскольку им не удалось обнаружить представителей субклада P58 на Северном Кавказе (там доминирует параллельный ему Z1828), то для сравнения брали гаплотипы армян и азербайджанцев. По неизвестной причине вне поля зрения остался народ, в течение последних 600 лет живший в тех же самых населенных пунктах, что и литовские татары – евреи-ашкенази. Базовый гаплотип одной из ашкеназийских ветвей гаплогруппы J1, а именно J-FGC5206, точно совпадает с базовым гаплотипом группы литовских татар:

12 23 14 10 13 17 11 13 11 31 17 14 20 11 15 10 20

Очевидно, родословная этой семейной линии восходит к восточноевропейским евреям, но ее детали пока неизвестны. Происхождение второй линии из западноевропейского субклада R1b-L51 пока остается неясным из-за низкого разрешения.

По результатам проведенного анализа можно сделать вывод, что от 65% до 85% литовских татар из совместной выборки по своим мужским родословным восходят к народам, населявшим территорию Золотой Орды на рубеже XIV–XV вв. Разночтения касаются в основном гаплотипов из субклада M458 в низком разрешении. В пользу того, что их носители также восходят к переселенцам из евразийских степей,

говорит статистика по ногайцам (Схалыхо 2013) и черкесам (Balanovsky 2011), у которых были найдены гаплотипы R1a-M485, не типированные на более глубокие снипы, а также единственный пока гаплотип балкарца с карачаево-балкарского проекта (кит № 307200, <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>), принадлежащий к очень редкой родительской ветви M458. Кажущаяся очевидной версия о недавнем происхождении от кубанских и терских казаков не согласуется ни с фактами истории тюркоязычных народов Северного Кавказа, ни с датировками ветвей, найденных в исследованной выборке (рис. 2).

При сравнении с современным распределением представленных в выборке гаплогрупп и данными ископаемой ДНК весь набор степных генеалогических линий можно условно поделить на «западную» и «восточную» части. К первой относятся ветви G2a-L1264, R1a-M458, R1b-Z2103, J2b-L283, а также, возможно, некоторые участники из ветвей R1a-Z280 и J2a. Ко второй – R1a-S23592, J2a-S15439, Q1a, Q1b и R1b-M73. Современное количественное соотношение этих линий, принципиально важное при расчетах ПКА, имеет второстепенное значение при реконструкции методами ДНК-генеалогии. За 600 лет существования татарского субэтноса в ВКЛ исходные пропорции неоднократно менялись – какие-то линии из исходного набора росли быстрее, какие-то медленнее, а многие пресекались, не оставив потомков в современной популяции. То есть происходило то, что называется генетическим дрейфом. По этой причине принципиальную информацию об истории народов Золотой Орды несут не проценты той или иной генеалогической линии в современной выборке, а само наличие таких линий и времена жизни их предков.

«Восточная» группа ветвей роднит литовских татар с народами, говорящими на кыпчакских языках – киргизами, казахами, башкирами, карачаевцами и балкарцами, у которых они также имеются, хотя и в других соотношениях. Происхождение «западной» группы, вероятно, следует связывать с населением Восточной Европы, вновь заселившим степную зону после демографического кризиса рубежа III-II тысячелетий до н.э. Об этом свидетельствуют времена жизни предков соответствующих ветвей гаплогрупп G2a, J2b, R1a и R1b, что попадают в узкий интервал 4200-3800 лет назад. По археологическим данным, в степной зоне Европы исчезают захоронения в промежуток времени между 4200 и 4000 годами назад, но появляются на Южном Урале, маркируя синаштинскую культуру (Anthony 2007). Палеоклиматологи фиксируют необычной силы засуху на Ближнем Востоке, начавшуюся около 4200 лет назад и длившуюся около 100 лет (DeMenocal 2001). К следствиям резкого изменения климата, помимо падения Аккадского царства в Месопотамии и Древнего Царства в Египте, относится, видимо, и уход людей из степей, превратившихся в пустыню. Когда засуха

закончилась, люди вернулись, но это были уже другие племена, потомки которых продолжали жить там вплоть до очередной радикальной смены населения на закате Золотой Орды. За прошедшее с эпохи бронзы время их генеалогические линии во многом перемешались с линиями, что пришли с востока, в том числе и теми, что, сделав круг, вернулись в места, которые когда-то покинули.

В силу исторических обстоятельств, смешанный характер населения причерноморских степей позднего Средневековья во многом «законсервировался» у литовских татар. В этом уникальность их положения, поскольку у других родственных им народов замещение исходных генеалогических линий происходило намного интенсивнее. Так, у казанских татар преобладают автохтонные линии Поволжья, среди тюркоязычных народов Северного Кавказа – местные кавказские гаплогруппы, а в этногенез (и фенотип) казахов значительный вклад внесли монгольские племена, предки современных калмыков (Каржавин 2009). Первое, на что следует обратить внимание – это отсутствие в выборке гаплогрупп восточноазиатского происхождения (C2 и O), а также очень низкую долю гаплогруппы N, которая служит меткой миграций с Алтая у многих тюркских народов. Хотя их исчезновение можно отнести за счет генетического дрейфа, подобная избирательность, скорее всего, говорит о том, что в исходной популяции их также было мало, что повышает вероятность «вымывания» таких линий. Гаплогруппы Q1b, Q1a-M25 и R1b-M73, хотя и присутствуют на Алтае и в Монголии, но, согласно статистике, больше тяготеют к Средней Азии, где, вероятно, и зародились. О возможном среднеазиатском происхождении ветви J2a-S15439 уже говорилось выше, а миграционные пути ариев из ветви R1a-Z93, предковой к Z2125, с Русской равнины на восток надежно реконструируются по сумме имеющихся данных (Клёсов 2016).

Поскольку существуют весомые свидетельства, что изначальный язык литовских татар принадлежал к кыпчакской группе тюркских языков (Pankratov 2016, Supplementary Information Text), то, очевидно, основной вклад в их формирование внесли кыпчакские народы, известные в древнерусских источниках под собирательным названием «половцы», с ударением на последнем слоге (Зализняк 2014, с. 649). Их этногенез во многом остается загадкой, и консенсус специалистов существует только относительно места формирования тюркских языков, зафиксированных в самых ранних письменных источниках. На основе палеографического материала и средневековых хроник исходный ареал обитания тюркских народов, как правило, помещают в верховья Оби и Енисея, где в настоящее время живут говорящие на языках этой группы тувинцы, хакасы, чулымцы, карагасы (тофалары), шорцы, тубалары, кумандинцы, челканцы, алтай-кижи



(<https://www.ethnologue.com/country/RU/languages>. Несмотря на языковое родство, по набору Y-хромосомных линий они показывают существенные отличия друг от друга (Derenko 2008, Балаганская 2011, Dulik 2012, Underhill 2014). В различных, зачастую контрастирующих пропорциях у коренных народов Алтая и Саян представлены гаплогруппы C2, D, O2, Q1a-L53, N, R1a и R1b, причем для многих из них можно выделить молодые ветви с датами жизни предков 1000-1500 лет назад. При анализе доступных 17-маркерных гаплотипов (Dulik 2012, Underhill 2014) выяснилось, что в выборке литовских татар из них присутствуют только субклады R1a-S23592 и Q1a-L53 (ветвь L330), а также единственный гаплотип из субклада N-P43.

Из этого наблюдения можно сделать предварительный вывод, что либо население Алтая претерпело радикальные изменения в послемонгольскую эпоху, когда литовские татары уже осели на своих новых землях, либо вклад жителей этого региона в этногенез кыпчакских народов был сравнительно небольшим. Если исходить из данных по ископаемой ДНК, то первый вариант вполне вероятен, поскольку в захоронениях, от эпохи бронзы до раннего Средневековья, обнаружено несколько десятков носителей гаплогруппы R1a, но лишь единичные образцы из гаплогрупп C (Keyser 2009, образец S07), J2a-PF5050 (Allentoft 2015, C. Rottensteiner, частное сообщение, образец RISE602), N-P43 (Пилипенко 2015) и Q1a-M25 (Allentoft 2015, образцы RISE600 и RISE601). Имеющаяся статистика, однако, не позволяет пока оценить, насколько значительным был перевес «скифских» ветвей R1a-Z93 в регионе и на какое время приходится их частичное замещение на восточноазиатские гаплогруппы C2, O2, N-P43 и Q1a-L53. Вероятность второго варианта, о происхождении кыпчаков за пределами Алтая, напрямую зависит от пока еще фрагментарных данных по ископаемой ДНК степных народов Евразии в Средние Века. Она тесно переплетена с проблемой т.н. «аланского наследства», что является одной из горячих тем в истории Северного Кавказа.

Оба варианта, однако, сходятся в одном – родословные подавляющего большинства литовских татар, как, очевидно, и половцев, «срезом» с которых их можно считать, восходят к народам, населявшим степную зону Евразии с эпохи бронзы и создавшим культурную общность, материальные признаки которой оставили след на всем ее пространстве. В различных источниках они известны как скифы (Σκύθοι), «сака», «шака», «ашкуза», «ишкуза», «\*шатс» (蔡). Как следует из современных данных по Y-ДНК, скифы и половцы (предки литовских татар, согласно данной концепции) оказываются очень близкими народами, потомками арийских племен, начавших движение с Русской равнины на восток около 4000 лет назад. От них они унаследовали генеалогические линии из субклада R1a-Z93, которые по мере контактов с окружающими народами дополнились ветвями из гаплогрупп G2, J2, R1b, а

впоследствии R1a-Z282 и гаплогруппами восточноазиатского происхождения. На каком из этапов своей истории они перешли с исходного индоевропейского языка на тюркский, еще только предстоит выяснить. На примере литовских татар мы имеем редкий случай движения по спирали в виде возврата к языку индоевропейской семьи.

Таким образом, исследование Y-хромосомных линий литовских татар позволяет сделать выводы, что (i) не менее 2/3 мужчин в репрезентативной выборке ведут свой род от народов, населявших степную часть Золотой Орды и говоривших на кыпчакских языках; (ii) принципиальные генеалогические линии литовских татар восходят к скифским племенам, заселявшим в эпоху железа обширные пространства от Днепра до Алтая; и (iii) возникновение кыпчакской ветви тюркских языков может быть связано с тюркизацией одной из групп скифских по происхождению племен, как можно судить по преобладанию ветвей одного и того же субклада R1a-Z2125 среди всех без исключения народов этой группы. Последний тезис нуждается в дополнительной поддержке, в первую очередь, со стороны лингвистики. Для локализации места, времени и масштаба этого события, если оно подтвердится, необходимо также переосмыслить материал, собранный археологами и специалистами в источниковедении.

Наконец, ДНК-генеалогия позволяет понять, за счет чего литовские татары сохранили свою национальную идентичность в условиях, когда многие подобные этнические группы неизбежно бы ассимилировались. Помимо религиозных и сословных барьеров, не меньшую, а может быть, и большую роль сыграло то, что они сохраняли преемственность традиций от отца к сыну, что всегда стояла на первом месте у кыпчаков, и проявление которой наблюдаем на примере очень высокой доли предковых линий. Ее не смогли поколебать ни утрата языка, ни многочисленные браки на славянках, ни даже переход в христианскую веру.

## ЛИТЕРАТУРА

Афанасьев 2015 - Афанасьев Г.Е. и др. Новые археологические, антропологические и генетические аспекты в изучении донских алан // Краткие сообщения Института археологии. Вып. 237. 2015. С. 64-79.

Балаганская 2011 - Балаганская О.А. и др. Генетическая структура по маркерам Y хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии) // Вестник Московского государственного университета. Серия XXIII. «Антропология». 2011. № 2. С. 25-39.

Думин и др. 2016 - Думин С.В., Волков В.Г., Сабитов Ж.М. Этногенетические связи литовских татар: исторические корни литовско-

татарского дворянства // Золотоордынская цивилизация. № 9. С. 309-325.

Зализняк 2014 - Зализняк А.А. Древнерусское ударение: Общие сведения и словарь. М.: Языки славянской культуры, 2014. 728 с.

Каржавин 2009 - Каржавин С.П. Роль калмыков в формировании генетического портрета казахского этноса. Опыт имитационного моделирования исторического развития популяции // Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Т. 2. 2009. № 4. С. 670-746.

Клёсов 2016 - Клёсов А.А. Миграции ариев по данным ДНК-генеалогии // Исторический формат. 2016. № 2. С. 127-156.

Муратов 2016 - Муратов Б.А. ДНК-генеалогия татарских фамилий – 2. Крымские татары // БЭИП «Суюн». 2016. Т. 3. № 1 [1,2]. С. 28-79.

Пилипенко и др. 2015 - Пилипенко А.С., Трапезов Р.О., Полосьмак Н.В. Палеогенетическое исследование носителей пазырыкской культуры из могильника Ак-Алаха-1 (Горный Алтай) // Археология, этнография и антропология Евразии. Т. 43. 2015. № 4. С. 147-153.

Рожанский и др. 2013 - Рожанский И.Л. и др. Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии // Наука и инновации. Научно-практический журнал (Минск). 2013. № 3 (121). С. 55-62.

Схаляхо 2013 - Схаляхо Р.А. Геногеография тюркоязычных народов Кавказа: анализ изменчивости Y-хромосомы. Автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук. М., 2013. 24 с.

Allenloft 2015 - Allenloft M.E. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia // Nature. 2015. V. 522. S. 167-172.

Anthony 2007 - Anthony D.W. The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World. Princeton and Oxford: Princeton University Press, 2007. 554 p.

Balanovsky 2011 - Balanovsky O.P. et al. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region // Molecular Biology and Evolution. 2011. V. 28. S. 2905-2920.

DeMenocal 2001 - DeMenocal P.B. Cultural Responses to Climate Change During the Late Holocene // Science. 2001. V. 292. S. 667-673.

Derenko 2006 - Derenko M. et al. Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions // *Hum. Genet.* 2006. V. 118. S. 591-604.

Di Cristofaro 2013 - Di Cristofaro J. et al. Afghan Hindu Kush: Where Eurasian Sub-Continent Gene Flows Converge // *PLoS ONE*. 2013. V. 8(10): e76748. doi:10.1371/journal.pone.0076748.

Dulik 2012 - Dulic M.C. et al. Mitochondrial DNA and Y Chromosome Variation Provides Evidence for a Recent Common Ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians // *Am J Hum Genet.* 2012. V. 90. S. 229-246.

Keyser 2009 - Keyser C. et al. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people // *Hum. Genet.* 2009. V. 126. S. 395-410.

Lkhagvasuren 2016 - Lkhagvasuren G. et al. Molecular Genealogy of a Mongol Queen's Family and Her Possible Kinship with Genghis Khan // *PLoS ONE*. 2016. 11(9): e0161622. doi:10.1371/journal.pone.0161622.

Pankratov 2016 - Pankratov V. et al. East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars // *Scientific Reports*. 2016. V. 6: 30197. doi:10.1038/srep30197.

Underhill 2014 - Underhill P.A. et al. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a // *Eur. J. Hum. Genet.* 2014. 23. S. 1-8.

## REFERENCES

Afanas'ev 2015 - Afanas'ev G.E. i dr. Novye arheologicheskie, antropologicheskie i geneticheskie aspekty v izuchenii donskeh alan [New archaeological, anthropological and genetic aspects in studying Don Alan], in: *Kratkie soobshheniya Instituta arheologii. Vyp. 237* [Short messages of Institute of archeology. Release 237], 2015, pp. 64-79 [in Russian].

Allenloft 2015 - Allenloft M.E. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia, in: *Nature*, 2015, V. 522, pp. 167-172 [in English].

Anthony 2007 - Anthony D.W. *The Horse, the Wheel, and Language: How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World.* Princeton and Oxford, Princeton University Press Publ., 2007, 554 p. [in English].

Balaganskaja 2011 - Balaganskaja O.A. i dr. Geneticheskaia struktura po markeram Y hromosomy narodov Altaja (Rossii, Kazahstana, Mongolii) [Genetic structure on markers Y chromosomes of the people of Altai (Russia, Kazakhstan, Mongolia)], in: Vestnik Moskovskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija XXIII. «Antropologija» [Bulletin of Moscow State University. Series XXIII. «Anthropology»], 2011, № 2, pp. 25-39 [in Russian].

Balanovsky 2011 - Balanovsky O.P. et al. Parallel Evolution of Genes and Languages in the Caucasus Region, in: Molecular Biology and Evolution, 2011, V. 28, pp. 2905-2920 [in English].

DeMenocal 2001 - DeMenocal P.B. Cultural Responses to Climate Change During the Late Holocene, in: Science, 2001, V. 292, pp. 667-673 [in English].

Derenko 2006 - Derenko M. et al. Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions, in: Hum. Genet., 2006, V. 118, pp. 591-604 [in English].

Di Cristofaro 2013 - Di Cristofaro J. et al. Afghan Hindu Kush: Where Eurasian Sub-Continent Gene Flows Converge, in: PLoS ONE, 2013, V. 8(10): e76748. doi:10.1371/journal.pone.0076748 [in English].

Dulik 2012 - Dulic M.C. et al. Mitochondrial DNA and Y Chromosome Variation Provides Evidence for a Recent Common Ancestry between Native Americans and Indigenous Altaians, in: Am J Hum Genet., 2012, V. 90, pp. 229-246 [in English].

Dumin i dr. 2016 - Dumin S.V., Volkov V.G., Sabitov Zh.M. Jetnogeneticheskie svjazi litovskih tatar: istoricheskie korni litovsko-tatarskogo dvorjanstva [Ethnogenetic linkages of the Lithuanian Tatars: historical roots of the Lithuanian-Tatar nobility], in: Zolotoordynskaja civilizacija [Zolotoordynsky civilization], № 9, pp. 309-325 [in Russian].

Karzhavin 2009 - Karzhavin S.P. Rol' kalmykov v formirovanii geneticheskogo portreta kazahskogo jetnosa. Opyt imitacionnogo modelirovanija istoricheskogo razvitija populjarii [Role of Kalmyks in formation of a genetic portrait of the Kazakh ethnos. Experience of imitating modeling of historical development of population], in: Vestnik Rossijskoj Akademii DNK-genealogii. T. 2 [Bulletin of the Russian Academy of DNA genealogy. Volume 2], 2009, № 4, pp. 670-746 [in Russian].

Keyser 2009 - Keyser C. et al. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people, in: Hum. Genet., 2009, V. 126, pp. 395-410 [in English].

Kljosov 2016 - Kljosov A.A. Migracii ariev po dannym DNK-genealogii [Migrations of the Aryans in Light of DNA Genealogy], in: Istoricheskij format [Historical Format], 2016, № 2, pp. 127-156 [in Russian].

Lkhagvasuren 2016 - Lkhagvasuren G. et al. Molecular Genealogy of a Mongol Queen's Family and Her Possible Kinship with Genghis Khan, in: PLoS ONE, 2016, 11(9): e0161622. doi:10.1371/journal.pone.0161622 [in English].

Muratov 2016 - Muratov B.A. DNK-genealogija tatarskih familij - 2. Krymskie tatory [DNA genealogy of the Tatar surnames - 2. Crimean Tatars], in: BJeIP «Sujun» [BEIP «Suyun»], 2016, T. 3, № 1 [1,2], pp. 28-79 [in Russian].

Pankratov 2016 - Pankratov V. et al. East Eurasian ancestry in the middle of Europe: genetic footprints of Steppe nomads in the genomes of Belarusian Lipka Tatars, in: Scientific Reports, 2016, V. 6: 30197. doi:10.1038/srep30197 [in English].

Pilipenko i dr. 2015 - Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Polos'mak N.V. Paleogeneticheskoe issledovanie nositelej pazyrykskoj kul'tury iz mogil'nika Ak-Alaha-1 (Gornyj Altaj) [Paleogenetic research of carriers of pazyryksky culture from a burial ground of Ak-Alakha-1 (Mountain Altai)], in: Arheologija, jetnografija i antropologija Evrazii. T. 43 [Archeology, ethnography and anthropology of Eurasia. Volume 43], 2015, № 4, pp. 147-153 [in Russian].

Rozhanskij i dr. 2013 - Rozhanskij I.L. i dr. Belorusy: jetnogenez i svjaz' s drugimi slavjanskimi narodami s pozicii DNK-genealogii [Belarusians: ethnogenesis and communication with other Slavic people from a DNA genealogy position], in: Nauka i innovacii. Nauchno-prakticheskij zhurnal (Minsk) [Science and innovations. Scientific and practical magazine (Minsk)], 2013, № 3 (121), pp. 55-62 [in Russian].

Shaljaho 2013 - Shaljaho R.A. Genogeografija tjurkojazychnyh narodov Kavkaza: analiz izmenchivosti Y-hromosomy. Avtoreferat dissertacii na soiskanie uchenoj stepeni kandidata biologicheskikh nauk [Genogeography of the Turkic-speaking people of the Caucasus: analysis of variability of a Y-chromosome. The abstract of the thesis for a degree of Candidate of Biology], Moscow, 2013, 24 p. [in Russian].

Underhill 2014 - Underhill P.A. et al. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a, in: Eur. J. Hum. Genet., 2014, 23, pp. 1-8 [in English].

Zaliznjak 2014 - Zaliznjak A.A. Drevnerusskoe udarenie: Obshhie svedenija i slovar' [Old Russian accent: General information and dictionary], Moscow, Jazyki slavjanskoj kul'tury Publ., 2014, 728 p. [in Russian].

## Еще о татарах гаплогруппы R1a-M458

### (короткая переписка)

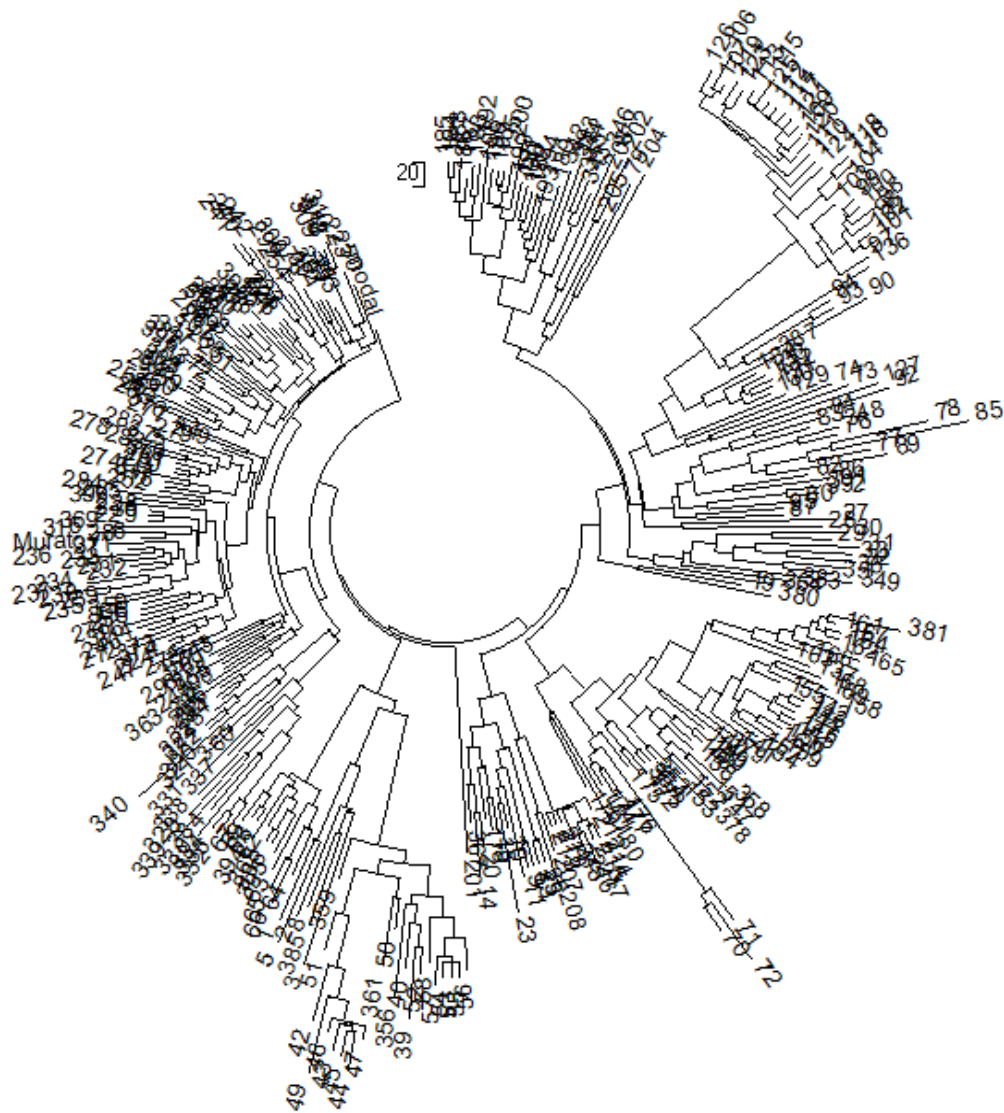
Добрый день, Игорь Львович,

Хочу поделиться некоторыми наблюдениями после прочтения Вашей статьи по литовским татарам. Много лет назад я заказал в FTDNA и получил 25-маркерный гаплотип родственника по фамилии Муратов. По легендам, его линия происходит из татар, об этом же говорит и фамилия. У него, судя по виду гаплотипа (и по последующей проверке, см. ниже) оказалась гаплогруппа R1a-M458, центрально-европейская ветвь - 1.

Мне неизвестно, литовский он татарин, казанский или другой, но при чтении Вашей статьи, я обратил внимание на то, что M458 у литовских татар имеет две ветви, которые сходятся к общему предку задолго до предполагаемого появления литовских татар. Вы, как я понимаю, не считаете, что этот субклад забросили к литовским татарам славяне, цитирую "Если бы они возникли в результате смешения с окружающим славянским населением, то либо времена жизни их предков были порядка 600 лет назад и позднее, либо они были бы близки к датировкам этих ветвей у славян, то есть около 2300-2700 лет назад".

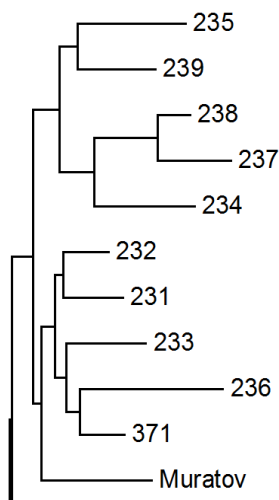
Чтобы это проверить, я взял 25-маркерные гаплотипы с Татарского проекта Idel

(<https://www.familytreedna.com/public/tatarlar?iframe=yresults>), добавил к ним гаплотип, упомянутый выше, и получил четко выраженную двойную ветвь, из гаплотипов под номерами 231-239 (в нумерации Проекта, и все они относятся к R1a-M458-CTS11962-L1029 (последнее "возможно", по словам Проекта), и там же упомянутый гаплотип Муратова, и гаплотип 371, который идет в разделе "русские", с указанием для него R1a-Z283. По виду ветвей ясно, что он недотипирован, и что у него тоже M458-L1029.



Дерево из 339 гаплотипов в 25-маркерном формате Татарского Проекта FTDNA, в котором присутствуют все гаплогруппы Проекта. Гаплотип Мутатова - в левой части дерева, на 9 час, в ветви субклада R1a-M458 (см. следующую диаграмму).





*Ветвь 25-маркерного дерева гаплотипов Татарского проекта, в которой находится гаплотип Муратова. Объяснения – в тексте.*

В одной подветви сидят гаплотипы 234, 235, 237, 238, 239, из которых Проект обозначил 234 и 235 как L1029 ("вероятно"), а остальные, 237, 238 и 239 - как L1029 > YP417 > YP418, то есть типированы поглубже (у них довольно много тестированы на BigY). Датировка этой ветви 1724±480 (без округления).

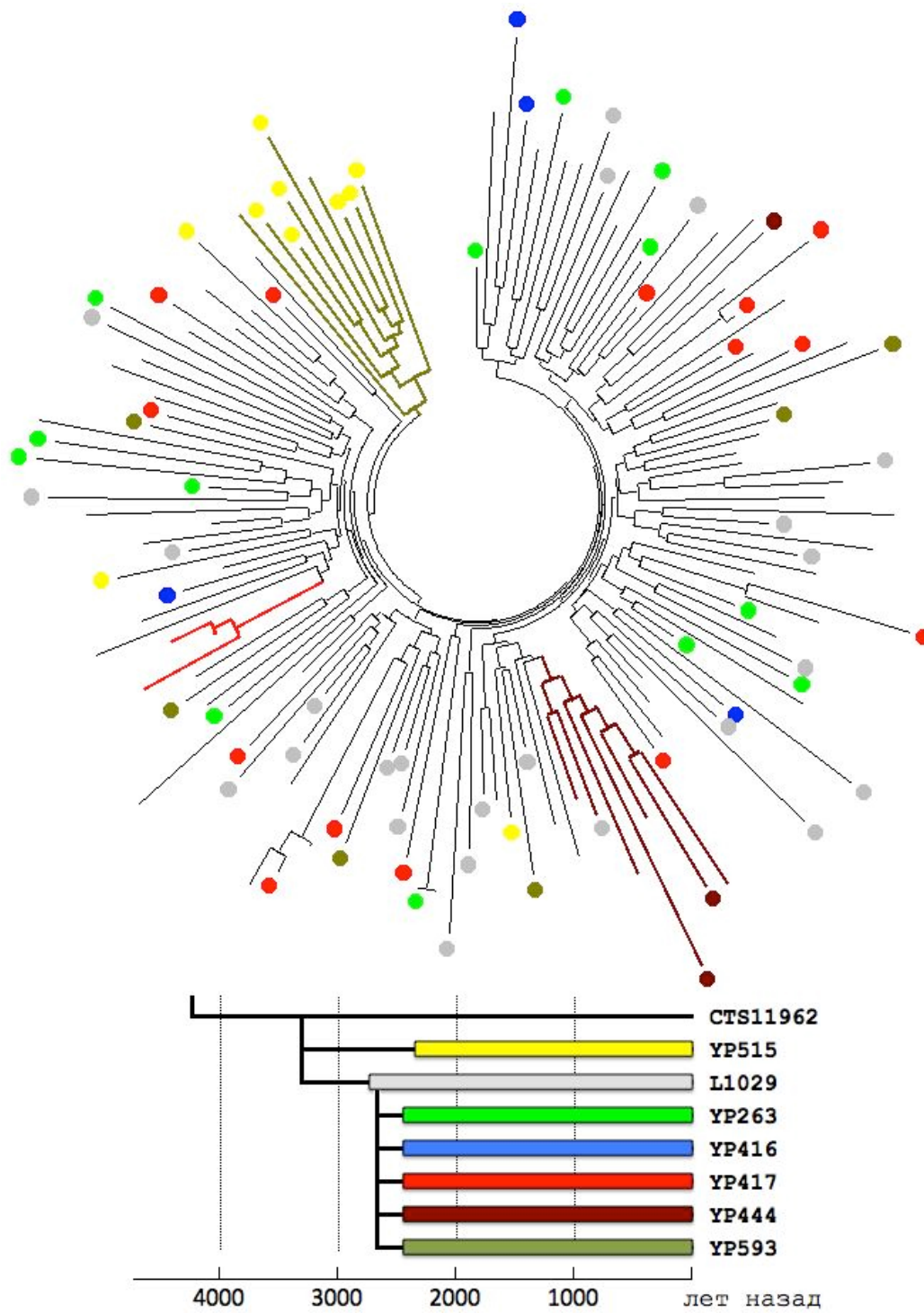
В другой подветви все гаплотипы (231, 232, 233, 236) отнесены к CTS11962 > L1029 (второе - "вероятно"), и там же Муратов и русский гаплотип. Датировка 1941±475, то есть практически такая же, как в другой подветви. Если убрать «русского», то ничего не изменится, датировка оставшихся 1982±520 лет. Если рассчитать время жизни общего предка по всем 11 гаплотипам обеих подветвей, то получим 2246±413 лет.

Последнее - это и есть Ваш интервал 2300-2700 лет назад, для славянских гаплотипов. Иначе говоря, мы видим датировку общего предка для каждой из подветвей в 1-3 вв н.э. (с погрешностью в несколько веков), то есть определенно до образования популяции литовских татар, в чем я не вижу ничего удивительного. Они же пришли большим военным формированием, "принесли" общего предка с собой. Но, на мой взгляд, проходит и альтернативный вариант, по которому общий предок у них был славянин (возможно, и в конце прошлой эры), и "русский" на ветви этому не противоречит. По другому - этот славянин M458 вовсе не обязательно был на их новых землях, в Литве-Белоруссии, он мог быть и в степях в конце прошлой эры.

Что думаете?

## ОТВЕТ НА ПИСЬМО

Да, упомянутый Муратов из той же самой супер-ветви, что и я. Приставка "супер" означает, что это самая большая по численности европейская ветвь R1a. В базе данных IRAKAZ она вторая после младшей скандинавской, причём не за счёт чрезвычайно активных британцев, а благодаря высокой доле у всех славян и немцев. Ее филогения по структуре очень напоминает европейские ветви R1b тем, что, за редкими исключениями молодых линий, ее подветви можно идентифицировать только по снипам. Даже в 111-маркерном разрешении гаплотипы из разных ветвей остаются перемешанными (см. ниже дерево гаплотипов CTS11962-111, где цветные кружки маркируют гаплотипы, отнесённые по снипам к соответствующей ветви, а серые – преимущественно "недотипированные" L1029). Для сравнения, посмотрите на 111-маркерное дерево родственной западнославянской ветви L260, в котором дочерние ветви в основном разделились.

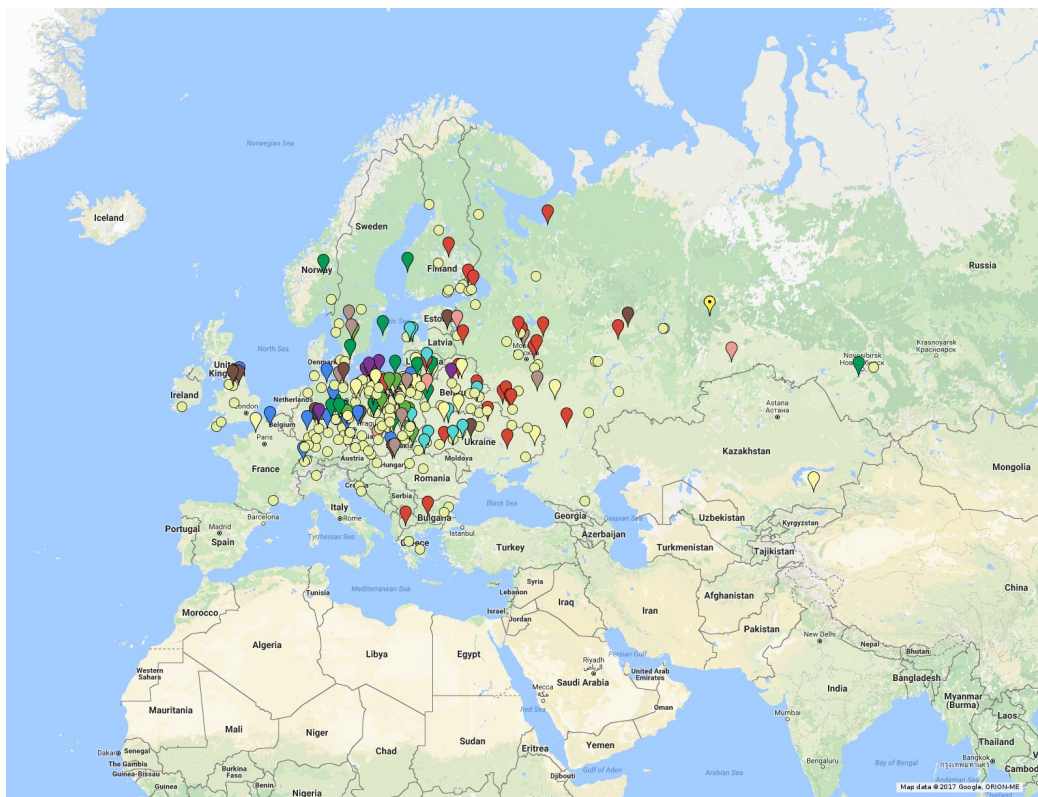


Дерево 111-маркерных гаплотипов субклада CTS11962, где цветные кружки маркируют гаплотипы, отнесённые по снипам к соответствующей ветви, а серые – преимущественно "недотипированные" L1029.

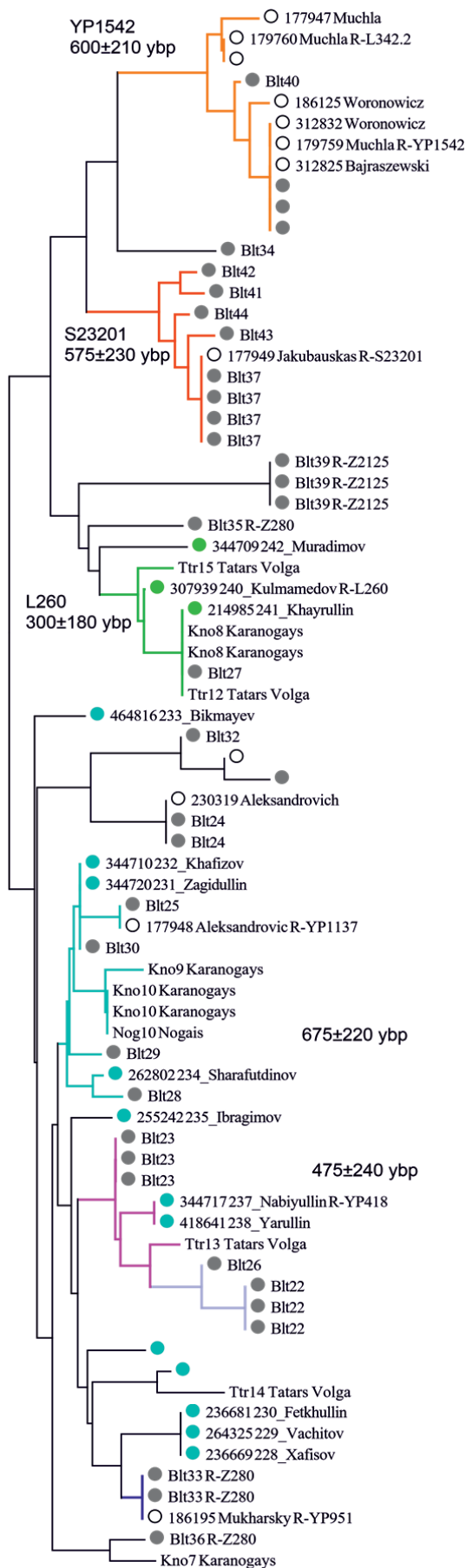


искусственным. Просто алгоритм устроен так, что он обязан как-то "рассадить" гаплотипы. Поскольку в Ваших расчетах фигурируют датировки на уровне рубежа нашей эры, то это означает, что общий предок татар из ЦЕ (центрально-европейской) ветви с проекта - это либо предок всего субклада L1029, либо одной из нисходящих ветвей "первого порядка". Если второе, то главным кандидатом можно считать ветви YР418. Согласно имеющейся статистике, она доминирует на территории России и Украины, но довольно редко встречается у западных славян. Вот карта, где гаплотипы, подтвержденные как YР418 или дочерние к ней ветви, обозначены красными метками

(<https://drive.google.com/open?id=1k2vtkRXOERhEeeJJ525bRIVNCK&usp=sharing>). Светлые кружки (их больше всего) отмечают "недотипированные" или не проверявшиеся на снипы гаплотипы. Если посмотрите на статистику по R1a на татарском проекте, то столь давний предок не должен вызывать удивления - там 2/3 участников с R1a из европейских ветвей. Тот самый случай, когда поскреби татарина, найдешь русского.



С литовскими татарами ситуация несколько отличается. В силу высокой плотности тестирования (116 образцов Y-ДНК на 6000 мужчин) у них в гаплогруппе R1a выявляется несколько компактных ветвей, о которых я подробно писал в статье. Посмотрите 17-маркерное дерево литовских татар и татар из R1a-M458 с проекта Idel. Оно в линейном виде, с большей детализацией.



Голубые и зеленые кружки на них маркируют участников татарского проекта из ЦЕ (центрально-европейской) и ЗС (западно-славянской) ветвей, соответственно. Для удобства, участники проекта Idel снабжены также порядковыми номерами по состоянию на сегодня. Молодые ветви выделены на дереве цветом и подписаны. Несмотря на низкое разрешение, они, в силу близости их гаплотипов, очень стабильны. Например, они не "разбегаются" при совместном расчете со списком L1029 в IRAKAZ и не пускают к себе посторонних, кроме нескольких казанских татар (ветви L1029 > YP417 > Y418, L1029 > YP417 > Y418 > YP1137 и L260) и киргизов (ветвь Z2124 > Z2125 > S23592 > YP1456 > YP1548 > YP1542). Из состава ветвей субклада M458 следует, что, по меньшей мере, 3 линии из них были принесены предками литовских татар из Золотой Орды, а не достались от белорусов. Пока остается открытым вопрос, имеются ли в этой выборке гаплотипы из родительской ветви M458. В 17-маркерном формате они неотличимы от гаплотипов из дочерних ветвей, а более глубокое типирование в полевой выборке не делали.

Что касается упомянутого Муратова, то по 25-маркерному гаплотипу можно определить только ветвь CTS11962, без дальнейшей детализации. Если есть возможность, то самый простой и эффективный путь

узнать детали - это заказать R1a Backbone SNP Pack за 119 \$. В этом пакете есть все принципиальные нисходящие снипы субклада M458.

\* \* \*

После столь информативных материалов по ДНК-генеалогии татар, рассмотрим тоже информативную популярную статью, которая представляет собой интервью Рамиля Сафина у администратора Татарского Проекта Максума Акчурина (опубликовано на сайте Idel.Реалии 20 марта 2017 года).

## **Отрицание общей родины у татар, по меньшей мере, некорректно**

**Рамиль Сафин и Максум Акчурина**

Статья "У татар не нашли общей родины", опубликованная в конце прошлого года (выдержки из статьи см. ниже), спровоцировала дискуссии вокруг происхождения татарского этноса и вновь подняла вопрос о степени единства татарской нации. "Генетические портреты" трех групп татар – крымских, поволжских и сибирских, – созданные по результатам исследования их Y-хромосомы, оказались очень разными. Это не подтверждает гипотезу ученых об общем происхождении всех татар из единой средневековой популяции." Подобное утверждение в Казани восприняли болезненно, ведь сибирские татары считаются субэтносом татар, и во время переписей населения они включаются в состав татарского народа. Администратор татарского ДНК-проекта Максум Акчурина в интервью "Idel.Реалии" объяснил, почему не стоит воспринимать подобного рода статьи всерьез.

**"ЗАЯВЛЯТЬ, ЧТО ГЕНЕТИЧЕСКИ ЭТО ОДИН ЭТНОС, А ЭТО ДРУГОЙ – КАТЕГОРИЧЕСКИ НЕПРАВИЛЬНО"**

– Федеральные СМИ нечасто пишут об истории татар. А тут статья с таким политизированным заголовком. Насколько вообще корректно так писать?

– Абсолютно некорректно. Я общался с авторами и участниками исследований, о котором написали ваши коллеги, – Еленой и Олегом Балановскими, Анастасией Агджоян, Надеждой Маркиной, и я не со всеми выводами готов согласиться. Тем не менее, стоит их поблагодарить за то, что они вступили в дискуссию, – они утверждают, что удивлены

такому заголовку, который поставили редакторы издания. Отвечая на вопросы, подтвердили, что на основе данных генетических исследований нельзя делать выводы по отделению одного этноса от другого и в частности пояснили, что они не утверждали, что крымские, волго-уральские и сибирские татары – это разные этносы. Но заголовок же и стиль, в котором была написана сама статья, наделали много шума. Вообще, многих читателей возмутили не столько обнаруженные результаты, а то, с какой стороны их решили преподнести.

Заявлять, что генетически, допустим, это один этнос, а это другой – категорически неправильно. Речь может идти лишь о разнообразии генофондов – явлении, характерном для абсолютного большинства современных более-менее крупных этносов. А вот принадлежность к этносу определяет этническое самосознание.

На самом деле в науке нет окончательного определения понятия "этнос". Некоторые ученые вообще отрицают само его существование – в основном американские. Но мы всё-таки исходим из того, что он есть. Ведь любой из нас без доли сомнения на вопрос о том, какая у тебя национальность, скажет: например, я – татарин, хотя бы потому, что у меня мама и папа – татары.

Но с другой стороны, наука не может выделить ни одного универсального критерия принадлежности к этносу, подходящего для всех случаев. Язык, антропологические особенности, культура, религия для одних этносов могут быть отличительными признаками, а для других – нет, всё зависит от особенностей формирования каждого конкретного этноса. Это же утверждение относится, в том числе, и к генетическим признакам. Уникальность этноса составляет как раз сочетание всех этих качеств.

## **ЕЩЕ НЕДАВНО РОДСТВО ПО МУЖСКОЙ ЛИНИИ ИМЕЛО ОЧЕНЬ БОЛЬШОЕ ЗНАЧЕНИЕ**

– Многим тема ДНК становится интересной. В прошлом году немалое количество пользователей социальных сетей поделились у себя в аккаунтах роликом "The DNA journey", в котором показано, как люди бывают шокированы, когда они узнают, кто они на самом деле. У людей есть интерес к ДНК-тестам? Для чего они тратят свои средства на это?

– Существует много направлений генетических исследований, например, медицинское. Но для большинства участников нашего проекта или соучастников, которые за ним следят, интересно использование результатов ДНК-тестов в области генеалогии, этногенеза и различных исторических реконструкций.



По большому счету в данном аспекте ДНК-тесты показывают только родство с другими людьми. Любой дальнейший анализ делается на основе сравнений. Т.е. мы можем выяснить, являются ли конкретные люди между собой родственниками. Это очень эффективный инструмент при изучении генеалогий родов или фамилий. Но также у нас появляется возможность выяснить происхождение своих далеких предков и пути древних миграций. Здесь сравнение выполняется поиском далеких родственников в мировых базах данных.

#### – Какие виды тестов существуют?

– *Тест Y-хромосомы*, которая имеется только у мужчин, определяет родство по прямой мужской линии (Y-хромосома передается практически в неизменном виде от деда к отцу, от отца к сыну) – это самые распространенные тесты. Они наиболее очевидны, и инструменты сравнения наиболее проработаны. А для татар, как и других тюркских народов, знание своего шәжәрә (родословной) когда-то являлось важной традицией. Для исторических реконструкций это также очень интересный инструмент, который во многом помогает исследователям. В нашем еще недавнем историческом прошлом родство по прямой мужской линии имело очень большое значение: по наследству передавались сословная, родовая или фамильная принадлежности, которые обуславливали права на власть или собственность, социальный статус. Практика показывает, что при изучении генеалогий татарских родов в первую очередь учитываются сословные различия: служилое, ясачное, тептяри и т.п. Для некоторых групп татар, чаще у тех, кого принято называть мишарями, характерно наличие старинных фамилий, которым более 300-400 лет, есть и еще более старые – это значительно упрощает исследования, когда непрерывная родословная неизвестна. Тогда для определения принадлежности к старинному роду можно основываться только на фамилии.

*Тест митохондриальной ДНК* определяет родство по прямой женской линии. Это наименее востребованный тест, потому что данное родство очень тяжело отследить.

Также показывает родство *тест аутосом*. Проверка аутосом – очень любопытный тест. Так, математически наш предок по единственной прямой мужской линии, например, живший тысячу лет назад, оставит всего лишь тысячные доли процента в наших генах. Но, в отличие от Y-хромосомы, аутосомы показывают весь генетический спектр, который мы получили от всех наших предков по всем линиям: отцовским и материнским. Единственное, по результатам аутосомных тестов невозможно определить по какой линии существует родство – по женской или мужской. Как выясняется, по аутосомному набору татары

между собой во многом близки, несмотря на огромные различия по Y-хромосоме. Аутосомы, как правило, коррелируют с географией длительного места проживания предков, и это тоже сказывается на общей картине.

**– Хорошо, человек сделал в лаборатории ДНК-тест и получил какой-то результат – что дальше? Как делаются сравнения полученных результатов?**

– Необходимо сказать, где и как проводится коммерческое тестирование. Основной компанией является **FTDNA**, при лаборатории создан Татарский ДНК-проект (он называется "**Idel DNA Project**"), в котором объединили свои результаты протестировавшиеся в этой лаборатории. Большинство ДНК-тестов татар сделано именно в этой лаборатории. Несколько лет назад появилась компания **YSEQ**, при которой также создан наш проект, но пока там мало участников. В основном, это те клиенты **FTDNA**, которые решили сделать дополнительный детальный тест за меньшую цену, но есть там и свои ограничения.

Сравнение и анализ – это самый важный этап в собственно исследовании, которое порою бывает сравнимо с целым расследованием. Сейчас в интернете кроме открытых проектов известных коммерческих лабораторий **FTDNA** и **YSEQ** доступны несколько популярных порталов с шикарными базами результатов ДНК-тестов со всего мира – они представляют собой мощнейшие инструменты анализа. Отдельно выделю **Gedmatch**, **YFULL**, **Semargl**. Программные инструменты анализа разрабатываются и продвигаются зачастую энтузиастами, которые стали настоящими профессионалами в этом новом направлении. Не думаю, что какая-нибудь научная лаборатория сможет похвастаться похожими аналитическими инструментами, потому что не обладает таким массовым охватом. Ценность этих проектов повысилась благодаря еще двум важным обстоятельствам.

Во-первых, в последние годы появилось несколько качественных зарубежных научных публикаций. В отличие от многих, авторы этих публикаций результаты проделанных ДНК-тестов своих научных выборок сделали доступными, а среди них есть и результаты тестов представителей многих коренных народов Поволжья, Урала и Сибири. Так вот, команда портала **YFULL** обработала эти результаты и выложила данные в общедоступную базу, чем значительно ее обогатила.

Во-вторых, опять же зарубежные научные лаборатории сделали доступными результаты ДНК-тестов останков древних людей, в том числе, из могильников степных археологических культур. База древних ДНК постоянно расширяется. Нашлись люди, которые загрузили

результаты аутосомных тестов древних ДНК на портал **Gedmach**, теперь любой человек их можно сравнивать со своими результатами.

Обнаружив в базах далеких родственников, можно смоделировать маршруты древних миграций наших предков. Но тут возникает еще один непростой вопрос: а какова же степень родства с обнаруженными далекими родственниками? Есть такое понятие – время жизни ближайшего общего предка или **TMRCА**. С той степенью тестирования, которая на сегодняшний день наиболее распространена, к сожалению, с более-менее надежной достоверностью можно судить о времени жизни общих предков в пределах только нескольких тысяч лет назад. Для более точного вычисления требуются дополнительные тесты.

### **380 УЧАСТНИКОВ ТАТАРСКОГО ДНК-ПРОЕКТА: НАРОД НЕОДНОРОДЕН ПО СВОЕМУ ПРОИСХОЖДЕНИЮ**

**– Сколько человек уже приняло участие в проекте "Idel DNA Project"?**

– В Татарском ДНК-проекте при FTDNA сейчас более 380 татар, сделавших тест Y-хромосомы. Всего же, включая другие проекты и лаборатории, протестировано около 430 татар, о которых нам известно. Их число постоянно растет. Абсолютное большинство – это татары, которых принято называть "казанскими", и татары, которых принято называть "мишарями". В действительности предки многих из них живут вместе не одну сотню лет в смешанных районах, посему подобное разделение достаточно условное. Иногда мы говорим, что какие-то татары – это "мишари" лишь потому, что их предки назывались мещеряками – служилыми татарами, чьими исконными историческими областями являлись мещерские уезды (в первую очередь, это современные территории Мордовии, Рязанской, Нижегородской, Пензенской областей). Формировались эти два татарских субэтнуса в разных исторических условиях, что отразилось на результатах ДНК-тестов. Есть в проекте несколько сибирских, крымских, а также польско-литовских татар.

**– Кто может принять участие в Татарском ДНК-проекте?**

– Любой желающий. Люди тестируются в частном порядке, и мы просим опубликовать свои результаты на специальном сайте. Исследования проходят в лаборатории в Хьюстоне, США, т.к. в России пока исследовательских центров подобного уровня, к сожалению, нет.

**– И сколько стоит такой тест?**

– В американской компании **Family Tree DNA (FTDNA)** есть разные варианты заказов для Y-хромосомы в зависимости от глубины

тестирования на 12, 25, 37, 67, 111 STR-маркеров и полногеномное исследование Big-Y. Мы рекомендуем начинать с заказа на 37 маркеров. Он стоит 149 долларов. С учетом доставки – 160, т.е. по нынешнему курсу чуть больше 9 тысяч рублей. Результаты приходят в течение 1-2 месяцев. Именно этот тест даст более-менее определенное понимание результатов, хотя могут потребоваться и дополнительные тесты. Многое зависит от наличия или отсутствия родственников в базах данных.

**– Если ученые признают, что генетика и этничность никак не связаны, что дают результаты ДНК-тестов для изучения этносов, в частности, татар?**

– У меня, как у одного из администраторов Татарского ДНК-проекта, есть возможность видеть результаты тестов всех участников проекта, причем, многие участники сделали себе углубленные тесты (все результаты доступны на сайте проекта). Большинство участников владеет информацией о своих предках, живших в XVII-XVIII веках, их происхождении и местах начального проживания, что придает таким ДНК-тестам большую ценность для дальнейшего анализа.

Конечно, для полной картины этих данных пока недостаточно. Но за несколько лет существования проекта у нас накопился определенный опыт работы с базами и инструментами известных ДНК-порталов, о которых я упомянул. Весь вопрос заключается в том, в каких аспектах мы хотим использовать информацию о ДНК. На самом деле изучаются два основных аспекта:

**1-й аспект.** Можно увидеть, из каких компонентов складывался этнос на этапе своего формирования. Особенность этногенеза татар (и казанских, и мишарей) в том, что сами по себе они очень неоднородные по своему происхождению. Это было отмечено специалистами еще задолго до появления генетических исследований.

Сразу оговорюсь, что изучение этногенеза и этнической истории, т.е. происхождения и развития этносов – это одна из самых сложных и в то же время важных научных дисциплин, находящаяся на стыке множества других дисциплин (истории, археологии, лингвистики, антропологии и др.), которые нельзя игнорировать. Мы ведь все прекрасно понимаем, что любые этнические вопросы могут вызвать множество споров и очень легко превращаются в идеологические или политические. Поэтому каждый исследователь должен понимать степень ответственности и не гоняться за сиюминутными сенсациями. К сожалению, такие явления не редкость. Особенно это касается использования ДНК-исследований в изучении этногенеза, которое требует кропотливой и выверенной работы.

**2-й аспект.** Можно проследить источники внутренней миграции, которая со второй половины XVI века стала носить массовый характер. Сначала мишари заселили собственно свои коренные уезды (Темников, Кадом, Шацк, Арзамас). А далее в течение XVII-XVIII веков и служилые и ясачные татары заселяют огромные территории на юг и восток до Сибири. Причем, у локальных групп татар наблюдаются свои особенности, и нам уже иногда удается вычислить, например, что отдельные тептяри Башкортостана являются переселенцами из бывших Свияжского или Буинского уездов, или, например, некоторые татары Байлярской волости (Менделеевский, Агрызский районы) являются потомками каринских татар. Иногда очень четко прослеживаются миграции мишарей (темниковских, кадомских, алатырских татар) в Закамье и на территории Уфимского уезда. Они имеют свои характерные особенности.

Имеющиеся на сегодняшний день данные окончательно пока не позволяют раскрыть оба перечисленных выше аспекта. Есть понимание только по отдельным родственным линиям. Находки по 2-му аспекту часто подкрепляются документами, родословными, семейными легендами – они бывают очень интересными и информативными. Но 1-й аспект, касающийся этногенеза, ввиду большей неопределенности, в первую очередь, в оценке времени жизни ближайших общих предков с обнаруженными родственниками из других этносов и недостаточной базы образцов, является самым сложным. Он требует осторожных оценок. Мы пока находимся на стадии накопления информации.

**– Если результаты ДНК-тестов - являются строгими научными данными, то почему так много различных мнений и версий?**

– Дело в том, что большинство известных результатов и из коммерческих и из научных лабораторий не являются настолько детальными, чтобы дать корректную оценку времени жизни общих предков. Например, популяционные генетики часто оперируют гаплогруппами и вычисляют их доли в различных популяциях – это крупные родственные группы или подгруппы, возраст формирования которых не менее 6-15 тыс. назад. Для изучения этногенеза современного этноса этого недостаточно, здесь нужна более точная информация, которая требует специальных углубленных тестов. Ведь для понимания происхождения этноса нас больше интересует состав компонентов, из которых складывался этнос в последние более осязаемые 500-1500 лет.

Возьмем для примера гаплогруппу J2a, которую часто называют ближневосточной, предполагая, что предки вышли из Ближнего Востока. Да, возможно предки большинства носителей гаплогруппы J2a многие тысячелетия назад жили на Ближнем востоке, но за такой длительный период носители этой гаплогруппы распространились от Британских

островов до Внутренней Монголии и даже Камчатки. Так вот, допустим, мы обнаружим носителя J2a среди татар – это ведь строго научный результат, в принципе, нет оснований не доверять признанным лабораториям. А далее следует вопрос, на который далеко не всегда дают ответ: с какой именно волной древней миграции эти носители прибыли в Поволжье? С Кавказа, с Балкан или с Алтая?

Точно такое же широкое географическое распространение имеют характерные как для татар, так и для других евразийских народов гаплогруппы N1c, R1a, R1b. Только лишь когда будут массово сделаны детальные тесты, более точно определяющие возрасты общих ближайших предков, многие вопросы отпадут сами собой.

Наши знания не стоят на месте. Если несколько лет назад у нас было представление о предках с возрастными 6-15 тыс. лет, то сейчас этот период сократился до 2-4 тыс. лет назад, по отдельным линиям есть более точная информация до 1500 лет назад и даже еще меньше. Но и этого тоже пока недостаточно. За этот период, видимо, происходили не всегда известные, но значительные исторические события, повлиявшие на распространение потомков. Из последних примеров: один татарский род из Зеленодольского района попадает в европейскую родственную группу с возрастом жизни ближайшего общего предка чуть менее 2000 лет назад. Она обозначена как R1a-YP418, характерна, например, для русского населения. Но в эту же группу попали и финны, и болгары. И скорее всего к этой группе можно отнести некоторых ногайцев и литовских татар. Где жил их общий предок? Кем он был? Как случилось, что его потомки так далеко разбрелись и влились в совсем неродственные этносы? Всё это остается загадкой. Но с другой стороны, утверждать, что этот род основан некими "отатаренными" в период Казанского ханства пленными славянами, мы уже не имеем права – пока нам не предъявят значительно более близких общих предков.

И потом не надо забывать – перед нами картина генофондов современных людей, но как выглядели исчезнувшие средневековые или древние народы? Справедливости ради надо сказать, что отдельные лаборатории научились делать тесты древних ДНК, возможно, в ближайшем будущем мы получим более определенное представление о древних народах. Обнаруженные ДНК древних образцов сейчас широко обсуждаются и некоторые из них предварительно близки к современным татарам.

Один из наших администраторов **Асхат Каримов** обратил внимание на то, что недавно вышла статья **А.А. Клесова** и **Т.Г. Фалеевой**, в которой были показаны результаты ДНК-тестов из курганов хазарских захоронений. Некоторые специалисты предполагают, что приведенные

там результаты относятся к гаплогруппе R1a-Y57, которая встречается у татар Самарской области.

**– У вас в проекте несколько сотен человек. Вы можете сказать от кого происходят татары?**

– Пока мы видим, что определенную долю предков татар составляют представители древнего населения Восточной Европы домонгольского и дотюркского периодов. Они попадали в Поволжье на протяжении нескольких тысяч лет разными путями: из Европы (Скандинавия, Центральная и Южная Европа), Ближнего Востока, Северного и Южного Урала, Северной и Южной Сибири... Они могли быть кем угодно: земледельцами, охотниками, скотоводами, могли говорить на совершенно разных языках, более того - сменить не один раз свои языки. Естественно, эти миграции письменными источниками не зафиксированы. Эти древние жители стали предками для многих современных народов Евразии, в том числе, и для большинства народов Поволжья и Урала.

Если сравнивать с населением Европы или Сибири, то время жизни общих предков по мужской линии часто выпадает на период 2-4 тыс. лет назад. Значит, большинство из этих миграций происходили как раз в этот период. Как мы видим, европейцы еще с древних времен освоили восточные территории вплоть до Урала, причем, как лесные, так и степные пространства. Древними европейцами, скорее всего, были предки представителей подветвей таких гаплогрупп как I1, I2a, R1a-M458, R1a-Z280, R1b-L51, частично E1b-V13. Древними пришельцами из Сибири являются предки многочисленных подветвей гаплогруппы N1c1 и гаплогруппы N1c2-Y3185 (по старой классификации N1b-E). Эти доисторические периоды являются общими для многих евразийских народов. Отмечу здесь, что сравнение по аутосомам ДНК древних людей зачастую показывает наибольшую близость древних обитателей степей Афанасьевской, Ямной, Андроновской археологических культур бронзового века именно к татарам, причем и к казанским, и к мишарям.

Появление древних тюрков в Поволжье и Причерноморье, в первую очередь, включило в свой состав массы местных скотоводов. Возникновение тюркских политических образований в I тысячелетии могло вовлечь в свои популяции представителей соседних автохтонных этносов. Видимо, с распространением тюркской экспансии в Среднее Поволжье многие степные автохтоны уже стали тюрками. Похожая ситуация складывалась в других степных и околостепных ареалах в Причерноморье и за Уралом, и подтверждением этим выводам является вышедшая в 2014 году большая работа **Баязита Юнусбаева**, посвященная исследованию тюркского генофонда. Следы восточных пришельцев также можно обнаружить по Y-хромосоме среди участников

нашего проекта. Причем, восточные пришельцы достаточно разнообразны в плане обнаруженных гаплогрупп и их подветвей.

Есть еще в нашем проекте определенная доля участников, чьи родственники по Y-хромосоме в мировых базах пока отсутствуют, они, если так можно выразиться, реликтовые линии. Да, мы знаем их гаплогруппы: J2a, E1b, R1a-Z93, L1, G2a, G1, C2, O, Q1a и Q1b, но версии о маршрутах миграций их предков и времени появления остаются на уровне догадок.

Пока среди всех участников проекта не удастся выявить какие-то явно доминирующие группы. Каждая группа в лучшем случае объединяет по несколько человек, иногда по одному, за редким исключением некоторых более многочисленных мишарских групп J2b, Q1b или, например, татар Гарейской волости I1-M227. Таких отдельных групп уже несколько десятков и каждая требует отдельного изучения. В генофонде татар отражены следы многочисленных и разнонаправленных древних миграций. По совокупности получается, что дотюркских автохтонов больше.

Обобщения делать еще рано: пока слишком много допущений, и много факторов требуют уточнений. Тем более сделать окончательные выводы по этногенезу, основываясь только на данных ДНК, без привлечения других научных дисциплин – невозможно. Но еще раз повторюсь, что все перечисленные предки есть в каждом из нас и они все они отражены в наших аутосомах, хотя по прямой мужской линии они могут быть совершенно различного происхождения.

## **ТАТАРЫ СФОРМИРОВАЛИСЬ КАК НАРОД В ПЕРИОД ЗОЛОТОЙ ОРДЫ, А ЧУВАШИ И БАЛКАРЦЫ - НАМНОГО РАНЬШЕ**

**– Что-то еще можно прояснить об особенностях этногенеза татар, кроме того, что у них очень разнообразный генофонд? В каком направлении продолжать исследования и как делать выводы?**

– Действительно, наш генофонд очень разнообразный без явных доминирующих групп. Но в анализе, как я уже говорил, важен вопрос о датировках. Какой временной период является точкой отсчета начала существования татарского этноса? 500 лет или 1500 лет? Это пока дискуссионный вопрос, но никак не больше. Смена этнической идентичности – это скрытый процесс, историческими источниками он явно не описывается. Считается, что новый этнос возникает, как правило, в результате смешения различных этнических групп. Правда, бывают исключения, когда допустим какая-то часть этноса откалывается и попадает в другие исторические условия.



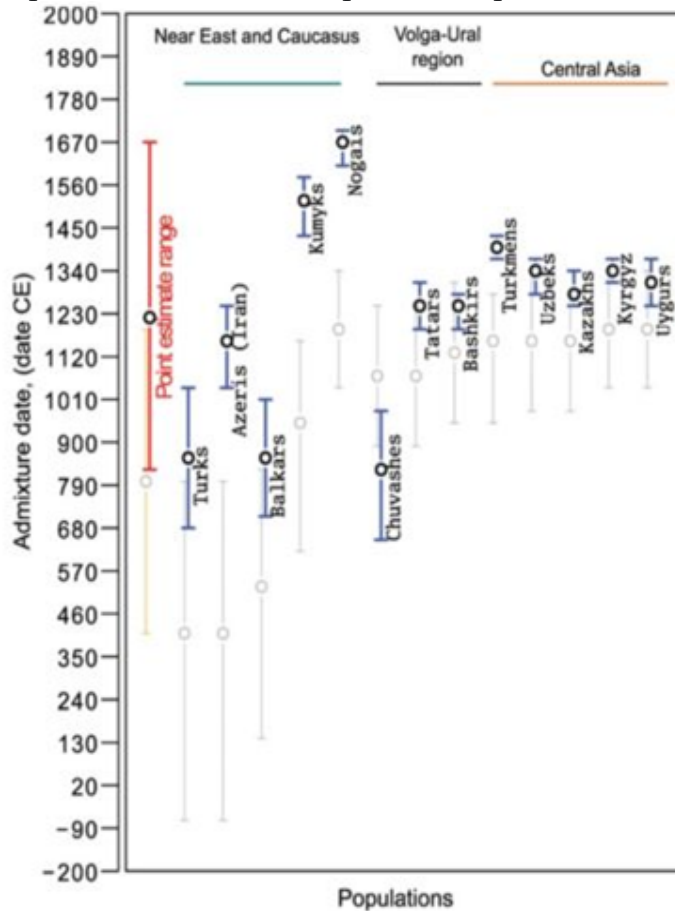
В идеале мы должны с помощью ДНК попытаться оценить время, когда произошли и завершились наиболее поздние вливания новых компонентов, являвшихся некогда другими этническими группами, и источники их миграции. При этом мы должны не просто количественно и качественно набрать свою татарскую базу ДНК, но и видеть данные по всем народам - соседним и далеким, которые могли участвовать в этногенезе: в особенности местные поволжские и ближайшие тюркские.

Сложившуюся ситуацию для татар смоделировать можно следующим образом: на протяжении нескольких тысяч лет на территорию Поволжья прибывали разные группы переселенцев, естественно они каким-то образом взаимодействовали, смешивались, участвовали в создании различных археологических культур и по прошествии какого-то времени становились автохтонами, причем, были уже неоднородными. Затем, в исторически обозримом прошлом вследствие различных событий появлялись новые группы пришельцев. Необязательно они были многочисленными, но они могли доминировать в военном, политическом и культурном плане. Эти пришельцы приносили новые языки и новое мировоззрение. В орбиту влияния новых образованных этносов могли попадать какие-то другие автохтонные группы. В результате этих сложных этнических процессов формировался новый этнос. Все эти генетические компоненты отражаются в наших аутосомах, которые в целом у всех татар одинаковые.

Опять приведу некоторые выводы из работы **Баязита Юнусбаева** – не берусь оценивать их точность, но многие специалисты их подтверждают. Он сравнивал аутосомы западных тюркских народов и их нетюркских соседей с четырьмя этносами Южной Сибири и Монголии: это тувинцы, монголы, буряты и эвенки. У всех тюркских народов отмечаются следы восточных миграций, которые более значительны по сравнению с их нетюркскими соседями. Вклад этих миграций у всех разный – у кого-то больше, у кого-то меньше, но как раз именно он и отличает тюркские народы от нетюркских. Из нетюркских этносов исключение составляют калмыки и марийцы(!), у которых обнаруженные следы восточных миграций сопоставимы с тюркскими. Автором было обнаружено несколько волн тюркской экспансии. Так, он вычислил, что последняя примесь у современных татар, башкир, казахов, узбеков и кыргызов произошла в XIII-XIV веках. При этом отметил, что эти народы разговаривают на тюркских языках, относящихся к кыпчакско-карлукской языковой группе.

Для сравнения интересна ситуация у северокавказских тюрков. Для балкарцев обнаруживается примесь, произошедшая в VIII веке – т.е. это влияние ранних тюрков, зато наиболее поздняя примесь была у кумыков в XV-XVI веках и у ногайцев в XVI-XVII веках. А вот у чувашей этот период выпадает на IX век. Тут стоит подчеркнуть, что татары уже как

этническая популяция сформировались в период, который совпал с ордынским периодом и связанным с ним новой тюркской экспансией потомков восточных кыпчаков и карлуков. В то время как на чувашей и балкарцев золотоордынское влияние, видимо, никак не сказалось, у них зафиксировались следы более ранней тюркской экспансии.



Датировки последних примесей у тюркских народов (синие отрезки) общих с населением Южной Сибири и Монголии на временной шкале

Любопытные комментарии по анализу некоторых аутосом татар, используя свои математические алгоритмы, сделал **Сергей Козлов**. В одном из последних комментариев он выделил, что в общем этнофоне древних предков проанализированных им на сегодняшний день мишарей преобладает восточноевропейский компонент. На первом месте по сумме общих сегментов находятся чуваша, рядом марийцы и мокша. А если брать более поздние смешения, то в них у мишарей на первом месте выделяются литовские татары, затем крымские татары. Еще интересно, что общих сегментов у мишарей больше с монголами, чем, например, с казахами и узбеками.

В итоге получается, что одна из задач, которую могут помочь решить ДНК-исследования, это выяснить, какие среди начальных компонентов

являлись уже укоренившимися на данной территории и к каким археологическим культурам они относились, а какие являются последними пришельцами, которые собственно и повлияли на окончательное формирование татарского этноса или, если быть точнее, его субэтнических групп.

## **О ФИННО-УГРАХ, БАШКИРАХ И БУЛГАРАХ**

**— Часто можно услышать, что татары – это отатаренные финно-угры. Опять же ссылаются на генетиков. Насколько это соответствует действительности?**

— Во-первых, сами финно-угры, если под ними понимать поволжские народы, разговаривающие на финно-угорских языках (удмурты, марийцы, мокша, эрзя, карелы, коми и др.), между собой могут оказаться совсем не родственными и также имеют очень сложное происхождение.

Во-вторых, в какой период по мнению авторов этих высказываний должен был проходить так называемый процесс "отатаривания"? В эпоху Золотой Орды или Казанского ханства? От некоторых даже можно услышать, что "отатаривание" происходило в XVII веке.

В действительности тут всё просто: на основании ДНК-анализа только тогда можно утверждать, что был процесс отатаривания, когда нам предоставят информацию о массовых фактах родства татар и, условно говоря, удмуртов с временем жизни общих предков, выпадающих на период XIII-XVII веков. Пока таких фактов еще никто не смог показать. Да и вряд ли покажут, поскольку доля якобы считающихся "финскими" компонентов по мужской линии родства не такая уж большая. Хотя безусловно общие предки со всеми соседними народами и не только финно-угорскими у нас есть. Но в большинстве случаев общие предки пока попадают в категорию "этнофона" с возрастом жизни более 1500 лет назад и глубже — вплоть до палеолита.

Можно добавить, что существуют отдельные линии, в которых есть общие предки именно с современными финнами, возраст предков которых менее 1500 лет. Что интересно, в родственных параллельных ветках вместе с финнами находятся башкиры из одной научной выборки и даже казахи. Тут можно отметить, что, видимо, происходили какие-то события, при которых эти предки попадали не просто в тюркскую среду, а в кочевую, если мы считаем башкир кочевниками.

**— Как выглядели болгары?**

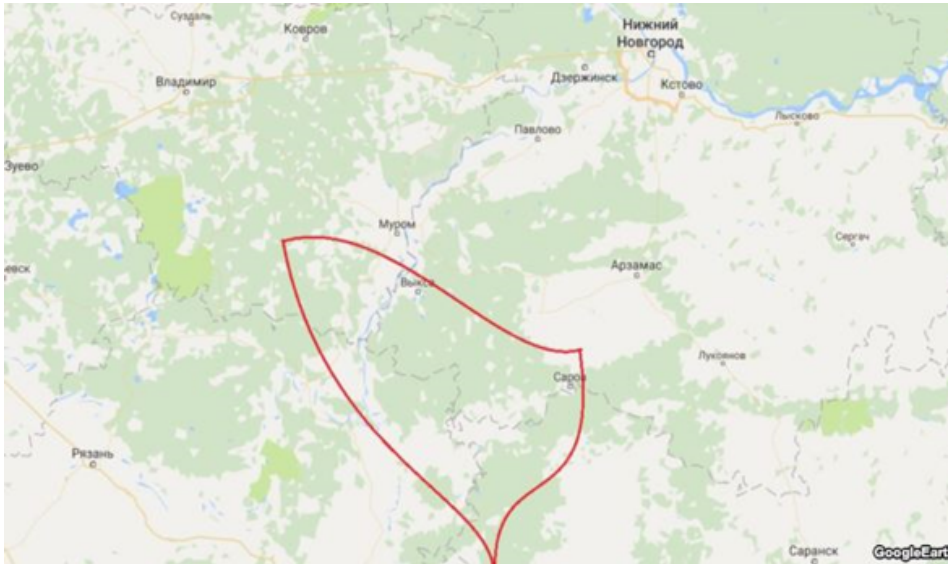
— Возникновение Волжско-Булгарского государства связано, в первую очередь, с тюрками, пришедшими в Среднее Поволжье из

Причерноморья и Северного Кавказа. Но как они выглядели? Если говорить о предположительных тюркских пришельцах из восточноазиатских степей, то пока у нас нет возможности каким-то образом их отличить от более поздних восточных миграций. Результат одного казанского татарина из Западного Закамья R1a-Z2123 оказался очень близким к балкарцам и карачаевцам. Может это является следом миграции болгар? Но эта группа не встречается в восточной Азии. Возможно среди древних болгар были местные группы европейской степной зоны. Некоторые родственные группы, которые считаются характерными для славян, обозначаются как R1a-M458, R1a-CTS1211 или I2a, могли к нам попасть уже в качестве тюрков. Об этом свидетельствует, хоть и не всегда многочисленное, присутствие этих групп у балкарцев, карачаевцев, ногайцев, крымских татар, башкир, литовских татар. Прибывшие болгары, видимо, включили в свой состав некоторых поволжских автохтонов. Причем, у многих из них прослеживаются общие предки с населением Центральной Европы, в основном, с западными славянами или немцами, которые крайне редки среди русского населения. Это дает право предполагать, что, возможно, они проникали в Поволжье, минуя лесную зону Русской равнины.

## **"МИШАРСКИЙ МАРКЕР" И ОСОБЕННОСТИ ЗАКАЗАНЬЯ**

**– Некоторые выпячивают мишарей в составе большого татарского этноса. С чем это связано?**

– Этнические процессы у мишарей носили непростой характер. Но татары-мишари появились в источниках лишь на рубеже XV-XVI веков в большинстве своем как татары военно-служилого сословия. Они жили в западной части мордовских земель (на границе Мордовии, Рязанской и Нижегородской областей). Примечательно, что в исторической памяти у всех групп мишарей самым ранним и главным историческим событием воспринимался переход их предков-золотоордынцев на службу к московским князьям. Это прослеживается в их собственных сообщениях и докладах XVIII века и сохранившихся преданиях до начала XX века.



*Мордовия, Рязанская и Нижегородская области*

Считаю, нам хорошо удалось проработать гаплогруппу J2b. Носители этой гаплогруппы встречаются во всех локальных группах мишарей. Это некий "мишарский" маркер. С появлением первых результатов возникло несколько загадок, связанных с этой гаплогруппой. Большинство носителей этой гаплогруппы принадлежат к старинным татарским фамилиям. Считалось, что все они согласно родословным, хранившимся в фонде Саровского монастыря, являлись потомками легендарного ордынского князя Бехана. Нам удалось изучить эти родословные. В итоге выяснилось, что из множества фамилий только Седехметевы, Муратовы, Акчурины, Кудашевы, Дашкины и Кашаевы представляли собой один род и действительно возводили себя к Бехану, что и подтвердили результаты ДНК-тестов. Все другие фамилии объединились в отдельную группу, близкородственную первой.

Во вторую группу попали такие старинные фамилии как Еникеевы, Енгальчевы, Мамины, Долотказины, Девлеткильдеевы, Бибарсовы, Дебердеевы, Торпищевы, Суховы, Килькеевы, Ненюковы, Акжигитовы, Кудяковы и др. Общий предок для обеих групп жил около 1500 лет назад.

Еще одной загадкой оказалось сходство этих групп с результатами, обнаруженными у мокши. В комментариях стали появляться версии о якобы принявших ислам "отатаренных мордовских" вождях. Однако дополнительные тесты показали, что мокшанские и татарские представители гаплогруппы J2b разделились ещё в домонгольское время. Тут можно сопоставить сообщения венгерских монахов об обнаруженных сарацинах, т.е. мусульманах, живших восточнее народа моксель, т.е. мокши. И можно предположить, что эти сарацины вошли в состав татар и были одними из предков мишарей. Никаких других общих близких генетических линий с мокшей или с эрзей у татар пока

не обнаружено, поэтому об "отатаривании" части мокши и эрзи говорить не приходится.

Также удалось вычислить, что предки по прямой мужской линии и мокшанских и татарских J2b пришли на территорию современной Мордовии из Европы. Видимо, некая группа древних европейцев, отделившись около 2000 лет назад, оказалась в Поволжье на территории современных Мордовии и Пензенской области. Затем они разделились и впоследствии часть из них вошла в состав мокши, а другая – в состав татар. Скорее всего движение было с южного направления, поскольку у эрзи, в прошлом жившей северо-западнее мокши, J2b большая редкость.

Есть и другие группы у мишарей, которые можно назвать автохтонными с домонгольской эпохи (R1a-Z92, R1a-M458, R1a-CTS1211, R1b-M269, I1, N1c-L550, E1b-V13). Эти автохтонные предки немного отличаются от автохтонных предков казанских татар. Кроме этого у мишарей достаточно много восточных групп и целый ряд групп, чье время появления и исходные места пока не удается прояснить в связи с отсутствием родственников в мировых базах (J2a, G2a, G1, L1, E1b, R1a-Z93, Q1a, Q1b, O, C2). Из представителей татар-мишарей, имеющих восточное происхождение по мужской линии, среди которых обнаружались неожиданные родственники, можно назвать некоторые старинные фамилии бастановских татар (Тынчеровы, Симашевы, Канеевы). Они оказались родственными иректинцам, табынцам, балыкчинцам и другим башкирским родам.

Бастаново – это крупное село на границе Рязанской области и Мордовии, в 2015 году отметившее 500-летие. Неожиданным также оказалось достаточно близкое родство некоторых мишарей Батыревского района Чувашии с монголами из рода Татар из Внутренней Монголии. Есть среди мишарей так называемые кыпчакские линии R1b-M73, характерные для казахов, башкир, народов Средней Азии.

#### **– Какие есть особенности у других локальных групп татар?**

– Например, в правобережных областях бывшего Казанского ханства, ставших Свияжским и Тетюшскими уездами, среди потомков ясачных татар и мурз на сегодняшний день насчитывается достаточно много разнообразных линий азиатского происхождения. Хотя, казалось бы, жители этих областей практически не отличаются от татар Закавказья.

В Закавказье сложный набор различных родственных групп. Некоторые предки по прямой мужской линии находятся в разнообразных родственных группах с Центральной и Северной Европой, хотя антропологами считается, что именно у татар Арского района наиболее

выражен монголоидный компонент южносибирского типа. Этот район требует дальнейшего изучения. Высока доля предков азиатского происхождения среди татар Высокогорского района – там встречаются гаплогруппы C2, O. Недавно, например, удалось вычислить, что возраст общего предка у представителей родственной группы N1b-VL67 для татар Заказанья и турков составляет 1500 лет. Здесь мы вполне определенно можем предполагать некое огузское влияние.

В восточных районах Татарстана, западных районах Башкортостана, в Самарской области попадаются свои непохожие восточные линии R1a-Z93, а также N1c-L1034.

Непростой состав у группы каринских татар. Причем у татар, считающих себя потомками легендарного Карабека, достаточно редкая подветвь N1b-B226 – видимо, их предки в относительно недавнее время прибыли из Сибири. В эту же группу попали некоторые удмурты из одной научной статьи. Как объяснить это родство – пока неясно. Может быть, некогда это была одна общая группа сибирских пришельцев, которые затем разделились. Тогда ситуация будет похожей с мишарскими J2b. С другой стороны, сохранились исторические документы о жалобах местного удмуртского населения на то, что каринские князья уводили удмуртских женщин.

Есть в нашем проекте несколько представителей пермских татар сылвенско-иренской группы. Они попали в одну родственную группу с казахскими кыпшаками R1b-M73.

У имеющих в проекте нескольких потомков касимовских татар также интересный набор. Выделяются среди них представители древней европейской родственной группы I2a. Видимо, это потомки крымской знати, в которую, в свою очередь, были включены представители домонгольского населения Причерноморья, потому что в эту группу попали некоторые крымские Яшлавские. Подтвержденное родство с крымскими аргынами обнаружено у Чанышевых, у них гаплогруппа J1.

**– И всё же между крымскими, поволжскими и сибирскими татарами может быть генетическое родство?**

– Мы же понимаем, что существование генетических клонов с таким сложным набором предковых компонентов на таких гигантских расстояниях маловероятно. У нас даже между соседними районами порою нет схожей картины. Но получить детальные результаты сравнения всех гаплотипов с выявлением точных подветвей гаплогрупп было бы очень интересно. Надеюсь, такие данные нам когда-нибудь удастся увидеть, тогда и обсуждение будет более предметными. Но даже этот представленный набор крупных родственных групп, наоборот,

свидетельствует о большей вероятности присутствия каких-то общих родственных линий. Тем более некоторые уже были обнаружены среди коммерческих образцов. Но еще раз повторимся, что к определению этнической идентичности эти данные никакого отношения не имеют, мы только сможем взглянуть на определенные аспекты непростых процессов формирования этносов.

**Татарский ДНК-проект** – интернет-площадка на базе сайта лаборатории FTDNA, которая объединяет результаты ДНК-тестов людей, сделавших анализы в этой лаборатории. Клиенты лаборатории могут сами создавать свои проекты, объединять результаты и помещать их в одном месте на сайте проекта

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

Так был создан Татарский ДНК-проект, в котором пополняется общая база татарских гаплотипов. В более широком смысле - это сообщество неравнодушных к истории своих предков людей, использующих для поисков ДНК-тесты.

\* \* \*

## Комментарий редактора

Краткое обсуждение интервью М. Акчурина с представлением дополнительных данных будет приведено ниже, после некоторых выдержек из популярной статьи «У татар не нашли общей родины», упоминаемой в начале интервью. Мы ограничимся выдержками, потому что статья, как всегда из того коллектива попугенетиков, сумбурная и запутанная. Неудивительно что она вызвала критику. Она и начинается неверным положением – «*«Генетические портреты» трех групп татар – крымских, поволжских и сибирских, – созданные по результатам исследования их Y-хромосомы...»*. В Y-хромосоме генов практически нет. То, на что авторы ссылаются – это исследования миллионов нуклеотидов (точнее, нуклеотидных пар), которые образуют огромные нерекомбинантные последовательности нуклеотидов, местами испещренные мутациями. Это – не «генетические портреты». Это по сути «мутационные мозаики», а любую мозаику можно при желании «портретом» назвать. Попугенетики давно привыкли общаться на некоем суржике, неряшливом сленге, у них и мутации – «гены».

Отчасти то, что популярная статья, помещенная ниже, столь бестолковая, вызвано тем, что такая же и исходная статья, опубликованная незадолго до того в журнале «Молекулярная биология» (т. 50, №6, стр. 978-991), под названием «*Генофонд сибирских татар: пять субэтносов – пять путей этногенеза*». Опять, изучали Y-хромосому, а называют «генофондом». Даже Википедия знает, что – цитирую –



«Генофонд (также **генный пул**, **пул генов** – англ. «*gene pool*») – ... совокупность всех генных вариаций...». И далее Википедия цитирует генетика А.С. Серебровского, который еще в 1928 году формулировал – «Совокупность всех генов данного вида... я назвал генофондом...». Генов, понимаете? А Балановские настолько погрузились в свой суржик, что для них нерекомбинантные участки Y-хромосомы – все равно «гены», «генофонд».

Так дальше в исходной статье и идет – изучают Y-хромосомы 388 тоболо-иртышских сибирских татар по 50 снипам, и записывают – «чрезвычайно высокий уровень генетических различий между ними,  $F_{ST} = 21\%$ . Каких «генетических различий»? Это что, снипы – и есть гены? Авторы не могут написать просто – что сибирские татары относятся к разным гаплогруппам, среди них N1c, N1b, R1a, R1b, Q, J2, G2a, I2a, E1b, C2 (авторы используют устаревшей индекс C3), и так далее. Понятно, что эти гаплогруппы находятся у сибирских татар в разных пропорциях, и соответствующие доли можно без затруднений записать. Но то, что «просто» – авторам не подходит, им надо запутать, стиль такой, или задача. Поэтому складывают все гаплогруппы в их разных пропорциях, делят, «семь на ум пошло», получают, что 21% – это «степень гетерогенности». Никогда и никому еще эти «степени гетерогенности» были не нужны, но таков стиль, чтобы было «научно». Отсюда вывод – «Сибирские татары представляют собой сложную иерархическую популяционную систему», и это «вывод» идет в Абстракт статьи.

И дальше в том же духе – «Генофонд искеро-тобольских татар сложился на основе местного сибирского субстрата и более позднего и мощного потока генов из Северо-Восточной Европы». Если проще – у той группы татар нашли гаплогруппы C и Q, и решили, что это – «местный сибирский субстрат», и еще у них нашли гаплогруппы N1c и R1a – назвали это «более поздним и мощным потоком генов из Северо-Восточной Европы». Мало того, что это не гены, и датировки они по сути не определяли, но и то, что из Северо-Восточной Европы – они не знают, так решили. Вот такое «исследование». В той же степени «исследование» – что «Генофонд ялуторовских татар определяется переднеазиатским компонентом». Причем, заметьте, не выносится продолжение фразы – «...потому что...». Нет этого «потому что», иначе придется написать «потому что мы так решили», или «потому что нам так кажется». И так далее, по всем разделам.

Исходная статья завершается тем, что «В целом генофонды сибирских татар не подтверждают гипотезу «общетатарского мира» – генетического единства народов, носящих этноним «татары». Это уже апофеоз «исследования». Подается как главный вывод статьи. Вопрос – а как авторы вообще представляют себе «генетическое единство» татар, буде такой вывод сделан? Как это вообще ожидается? Все татары имеют одну гаплогруппу, один субклад, и одно время жизни одного общего предка?

Так такого никогда и нигде не бывает. И у русских нет такого «генетического единства», и у поляков, и у французов, и у индийцев, и у монголов, и у башкир, и вообще ни у кого. У этнических русских, например, есть три основные по количеству гаплогруппы (R1a, I2a и N1c1), и еще много меньших по представительству, не менее десятка, а на самом деле значительно больше. Так как насчет концепции «генетического единства» как таковой, как авторы могли такое понятие вообще использовать? И тем более сделать это главным выводом, что такого, мол, нет.

Хуже всего то, что основные понятия не определили, по статье рассыпан суржик, и не удивительно, что татары возмутились. Дальше в качестве заголовка популярного пересказа используются термины «общая родина» (которой не нашли), и опять не определяется, что такое «общая родина», в каком смысле, что такое «общее происхождение всех татар», опять, в каком смысле? Как можно так неряшливо излагать важные вопросы? «Общая родина» чего? Разных гаплогрупп? Татарского этноса? Или это территория, как, например, «Золотая орда»? Короче, опять какая-то ерунда, что исходная статья, что ее популярный пересказ. Потому далее и выдержки, чтобы много ерунды не пересказывать.

## *У татар не нашли общей родины*

### **Ученые не подтвердили гипотезу об общем происхождении всех татар (Выдержки)**

«Генетические портреты» трех групп татар — крымских, поволжских и сибирских, — созданные по результатам исследования их Y-хромосомы, оказались очень разными. Это не подтверждает гипотезу ученых об общем происхождении всех татар из единой средневековой популяции.

Российские генетики изучили и сравнили «генетические портреты» татар. В исследование были включены три этнотерриториальные группы татар Евразии — поволжские, сибирские и крымские татары.

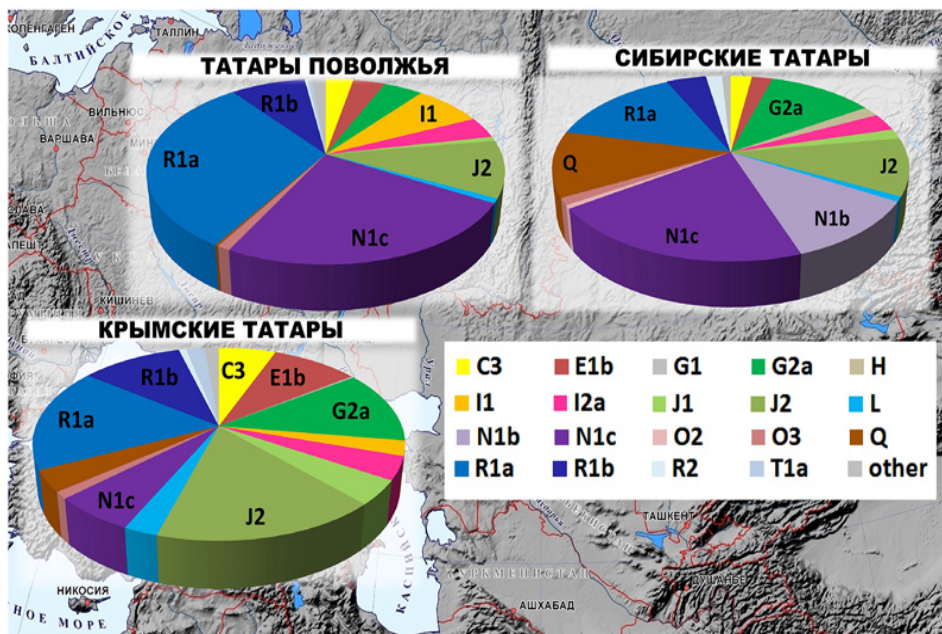
Статья с результатами работы опубликована в журнале «Вестник Московского университета», серия «Антропология», ее авторы — профессор Елена Балановская (заведующая лабораторией популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра), Анастасия Агджоян (Институт общей генетики РАН) и их коллеги из Харькова, Кемерово, Тобольска...

Есть несколько гипотез о генетическом происхождении разных групп татар. Согласно одной популярной гипотезе, это осколки генофонда некогда единой средневековой общности, а Золотая Орда была не только первоначальным государством всех татар, но некой генетической общностью.

Согласно другой версии, болгаро-татарской, генофонд татар Поволжья восходит к генофонду Волжской Булгарии, и тогда оказывается, что разные группы татар Евразии формировались в разных регионах на основе генофонда местного населения, которое заимствовало тюркский язык и культурные особенности кочевников.

### Генетические «пироги»

...В выделенных из крови образцах ДНК изучали Y-хромосому, ее изменчивые участки, отличающиеся по одному нуклеотиду (это называют однонуклеотидным полиморфизмом, SNP)...



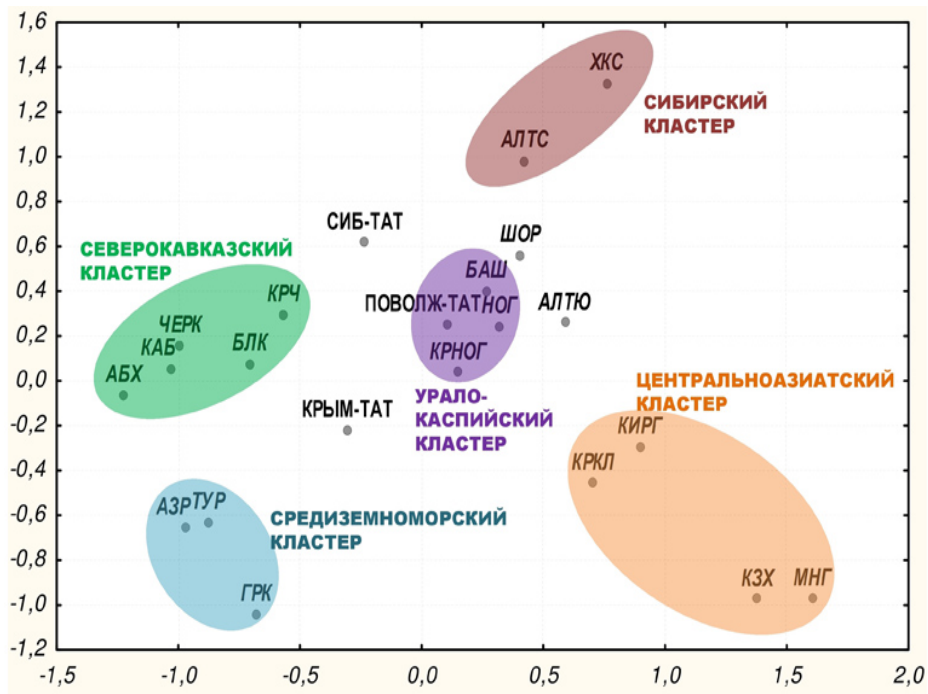
С первого взгляда видно, что «генетические портреты» разных татар не похожи друг на друга. В генофонде крымских татар высока доля (около половины) «южных» гаплогрупп Y-хромосомы, которые берут начало в Средиземноморье и на Ближнем Востоке, небольшая доля «восточных» и остальное приходится на «паневразийские» гаплогруппы R1a и R1b.

У поволжских татар разнообразие меньше, наиболее высок вклад гаплогрупп, распространенных в Восточной Европе и Приуралье. А группа сибирских татар оказалась наиболее генетически разнообразна. Около четверти в их генофонде составляет доля «сибирских» гаплогрупп, более трети приходится на «паневразийские», для отдельных субэтносов сибирских татар – ялutorовских и бухарцев – характерен юго-западный след...

### Нет единого происхождения

Генофонд трех изученных групп татар авторы разместили в генетическом пространстве Евразии. А именно: посмотрели их положение на графике, где разные популяции образуют группы – кластеры – в соответствии с их генетическим сходством. Оказалось, что только поволжские татары вошли в уже сформированный урало-каспийский кластер (вместе с башкирами, караногайцами и кубанскими ногайцами).

А крымские и сибирские татары оказались настолько своеобразны, что не вошли ни в один из «готовых» кластеров. Крымские татары расположились сразу между тремя кластерами – средиземноморским, северокавказским и урало-каспийским. Сибирские татары также разместились между тремя кластерами – сибирским, урало-каспийским и северокавказским.



Генофонды крымских, поволжских и сибирских татар в пространстве Северной Евразии. Обозначения популяций на графике: КРЫМ-ТАТ –

*крымские татары, ПОВОЛЖ-ТАТ – поволжские татары, СИБ-ТАТ – сибирские татары, АБХ – абхазы, АЗР – азербайджанцы, АЛТС – алтайцы северные, АЛТЮ – алтайцы южные, БАШ – башкеры, БЛК – балканцы, ГРК – греки, КАБ – кабардинцы, КЗХ – казахи, КИРГ – киргизы, КРКЛ – каракаппаки, КРНОГ – караногайцы, КРЧ – карачаевцы, МНГ – монголы, НОГ – кубанские тногайцы, ТУР – турки, ХКС – хакасы, ЧЕРК – черкесы, ШОР – шорцы.*

«То, что генофонды разных групп татар оказались так далеки друг от друга в пространстве Евразии, говорит об отсутствии у них единого генетического происхождения, — объясняет Анастасия Агджоян, один из авторов статьи. — Речь идет именно о биологическом происхождении группы, которое формирует структура браков внутри нее. Иными словами, генофонды современных групп татар нельзя считать «осколками мозаики» — генофонда когда-то единой общетатарской популяции, это, скорее, «галерея» разных генетических портретов».

Другая версия происхождения татар — от средневекового восточно-монгольского племени — также не находит генетических подтверждений: генофонды всех изученных популяций очень далеки и от монголов, и от других популяций Центральной Азии.

В каждой группе татар исследователи выявили нескольких генетических пластов, что говорит об образовании из нескольких источников. Так, в генофонде крымских татар смешались два генетических потока: «южный», принесенный из Восточного Средиземноморья, предположительно, в античные и Средние века, и «восточный», принесенный кочевниками из степной полосы.

Генофонд татар Поволжья говорит о сохранении дотюркского (или во всяком случае дозолотоордынского) генетического компонента и тяготеет вовсе не к востоку или к югу, а к северо-западу Евразии. Что же до сибирских татар, то их генетическое разнообразие высоко даже по сибирским меркам; очевидно, генофонды разных групп сибирских татар складывались каждый по-своему.

Так что объединенные языком, религией и культурой татары Евразии генетически совсем не едины, а очень и очень различны.

([https://www.gazeta.ru/science/2016/12/14\\_a\\_10425539.shtml](https://www.gazeta.ru/science/2016/12/14_a_10425539.shtml))

## **Комментарий редактора**

Популярный пересказ статьи (собственно, статья использует ту же «методологию») наглядно показывает порочность этой «методологии». За «происхождение» (татар в данном случае) принимается доля (!)

гаплогрупп в общей совокупности гаплогрупп. Иначе говоря, вид того «генетического пирога», в котором, как уже говорилось ранее, никакой генетики нет. «Пирог», на самом деле, по сути одинаковый – и у сибирских татар, и у татар Поволжья, и у крымских татар, он состоит из одних и тех же гаплогрупп. Давайте сравним – вот они, гаплогруппы, которые составляют все перечисленные группы татар: N1c, N1b, Q, R1a, R1a, G2a, I2a, C3. Они есть у всех трех групп, приведенных в виде «пирога». У всех трех гаплогруппы R1a, J2, N1c – в максимальном содержании, или близком к тому, остальные идут по убывающей. Ясно, что все три – родственные группы татар, но для более точного, количественного ответа на этот вопрос нужно проследить субклады, их динамику, и определить времена жизни общих предков для каждой основной по количеству группы, а также для относительно малочисленных групп и их гаплогрупп-субкладов. Результат и будет ответом на исходно заданный вопрос.

Но принципиальный ответ уже ясен – татары в целом и каждая их группа в отдельности образуют одну большую родственную группу. Эта группа состоит из нескольких родов, образовавших семью, и эта семья и есть татары. Они в совокупности и имеют одно происхождение, если под происхождением понимать то время и место, где и когда образовалась татарская семья как совокупность родов, а это с хорошим приближением и есть этнос.

Что вместо этого делают попгенетики? Они берут те самые «пироги», формально полученные, смешивают их, вычисляют некие доли, и растягивают их в некое поле (где координаты не имеют большого смысла, их даже не обозначают ни в каких определенных терминах). Продукт, имеющий вид неких эллипсов, тоже не имеет никакого определенного смысла, он зависит от доли гаплогрупп в «пирогах», показанных выше.

Как эта доля возникает? Почему они разные (хотя основные доли практически одни и те же)? Да много причин. Где войны, где болезни, где питание плохое, где миграции разошлись по разным направлениям. Вот и выглядят эти популяции как цепь сосисок с перетяжками. Фактически, пульсируют во времени, то разрастаются, то уменьшаются. А попгенетики выхватывают один срез по всем цепям сосисок, который соответствует современности, и что получилось, то получилось. И из этого делают «выводы». Сто лет назад картинка была бы другой, триста лет назад – третьей. А выводы должны отражать фундаментальные закономерности истории популяций. Вот этого у попгенетиков нет, ни в этой их работе, ни в других.

Аналог этой некорректности попгенетического «анализа» можно привести следующей. Изучение состава по гаплогруппам четырех регионов Белоруссии (юго-запад, северо-запад, центр-север и юг-юго-

восток) дало для гаплогруппы I2a среднюю долю 17.9%, а по регионам 17.2%, 7.9%, 16.5% и 23.2%, соответственно. Если бы к этим четырем регионам применили «компонентный анализ» популяционных генетиков, он бы показал разные эллипсы на диаграмме, и, соответственно, «разное происхождение» I2a в Белоруссии.

Так что совершенно были правы татарские (и другие) критики, нельзя так поступать с татарским (в данном случае) народом. Они ждут, что им объяснят, когда и где их народ стал единым, а им популяционные генетики говорят – а вы все татары разные, нет у вас ничего общего – ни происхождения, ни родины. Фундаментальная ошибка. А по отношению к народу – преступление.

## **Комментарии редактора по менее принципиальным вопросам по «татарской тематике»**

**Из интервью М. Акчурина:**

1. *>Основной компанией является FTDNA... Несколько лет назад появилась компания YSEQ...*

Надо добавить, тем более читателям из России, что уже около года в Москве работает Лаборатория ДНК-генеалогии, которая протестировала несколько сотен человек на гаплогруппы и гаплотипы (18- и 27-маркерные) <http://dna-academy.ru/test/>, и при дополнительном заказе проводит персональную интерпретацию результатов тестирования. Обычно интерпретация занимает 8-15 страниц текста с диаграммами и графиками, генеалогическими деревьями. Подобные интерпретации не делает больше никто в мире, ни одна компания или один человек, не входящий в Академию ДНК-генеалогии.

Об этом же:

2. *Люди тестируются в частном порядке... Исследования проходят в лаборатории в Хьюстоне, США, т.к. в России пока исследовательских центров подобного уровня, к сожалению, нет.*

Да, в России не делают тесты на протяженные гаплотипы (выше 27-маркерных, которые выполняет московская Лаборатория ДНК-генеалогия) и тесты типа BigY, но в заблуждение читателя может ввести фраза «подобного уровня... нет». На сайте Татарского проекта из 397 гаплотипов 59 есть только в 12-маркерном формате, и всего 36 гаплотипов в 111-маркерном формате. Эти 59 человек могли пройти

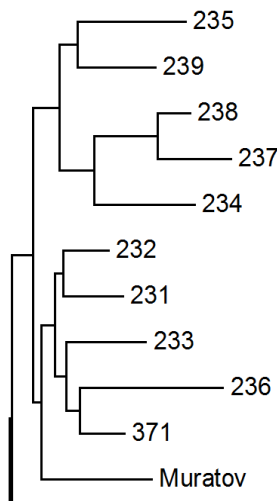
тест, например, в московской Лаборатории и получить 27-маркерный гаплотип, а не 12-маркерный. FTDNA не предоставляет пользователям никакой персональной интерпретации результатов тестов, как это делает московская Лаборатория.

3. В американской компании **Family Tree DNA (FTDNA)** есть разные варианты заказов для Y-хромосомы в зависимости от глубины тестирования на 12, 25, 37, 67, 111 STR-маркеров и полногеномное исследование Big-Y.

Первые два теста, на 12 и 25-маркерные гаплотипы, FTDNA уже не делает.

4. С той степенью тестирования, которая на сегодняшний день наиболее распространена, к сожалению, с более-менее надежной достоверностью можно судить о времени жизни общих предков в пределах только нескольких тысяч лет назад. Для более точного вычисления требуются дополнительные тесты.

Это, конечно, неверно. Автор просто не знаком с принципами и методологией ДНК-генеалогии. Выше был приведен пример с потомком татар (по семейной легенде) по фамилии Муратов, и показано место его гаплотипа на ветви дерева 25-маркерных гаплотипов. Воспроизведем эту ветвь еще раз:



*Ветвь 25-маркерного дерева гаплотипов Татарского проекта, в которой находится гаплотип Муратова. Объяснения – в тексте.*

В одной подветви сидят гаплотипы 234, 235, 237, 238, 239, и во всех пяти гаплотипах есть 15 мутаций от их базового гаплотипа. Это дает  $15/5/0.046 = 65 \rightarrow 69$  условных поколений, то есть  $1725 \pm 480$  лет до общего предка. Калькулятор Килина Клёсова дает  $1724 \pm 480$  лет (без



округления), что практически одно и то же. Здесь условное поколение равно 25 лет, 0.046 – константа скорости мутации для 25-маркерных гаплотипов (мутаций на гаплотип на условное поколение), стрелка – поправка на возвратные мутации.

В другой подветви шесть гаплотипов имеют 20 мутаций от их базового гаплотипа. Это дает  $20/6/0.046 = 72 \rightarrow 78$  условных поколений, то есть  $1950 \pm 475$  лет до общего предка. Калькулятор Килина Клёсова дает  $1941 \pm 475$  лет (без округления), что практически одно и то же. В обоих случаях это 1-3 вв н.э. (с погрешностью в несколько веков). А здесь ведь 15-20 мутаций в нескольких гаплотипах. Если бы, например, в тех шести гаплотипах была только одна мутация, то общий предок жил  $1/6/0.046 = 4$  условных поколений назад, то есть примерно 100 лет назад. Ну и где здесь «*времени жизни общих предков в пределах только нескольких тысяч лет назад*»?

Подобных примеров ветвей гаплотипов с недавними общими предками среди татарских образцов можно привести много. Рассмотрим некоторые из них.

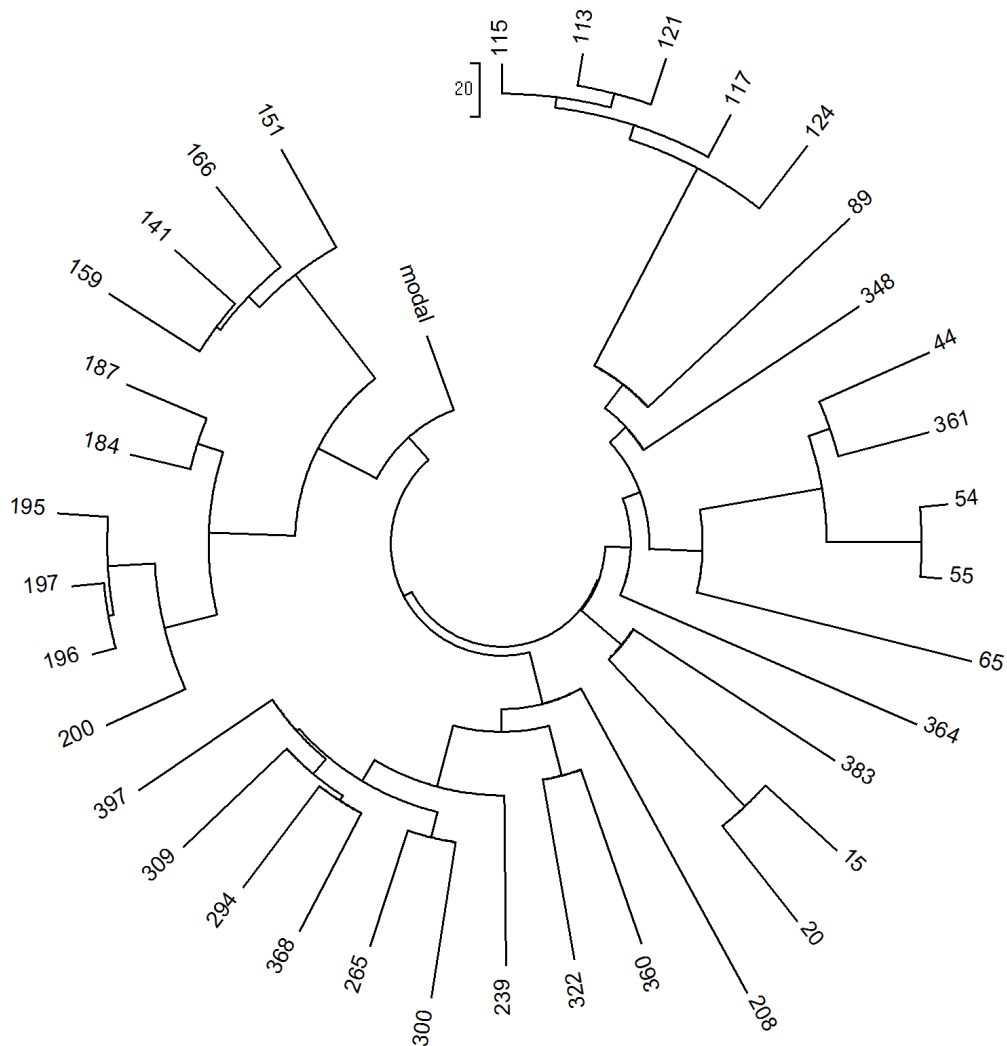
### 111-маркерное дерево гаплотипов Татарского проекта Idel (FTDNA)

Нумерация гаплотипов на дереве соответствует нумерации гаплотипов в Проекте

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

Верхняя плоская (значит, недавняя) ветвь из пяти гаплотипов (113, 115, 117, 121, 124) – это все гаплотипы гаплогруппы J2b в 111-маркерном формате. На все пять гаплотипов приходится всего 44 мутации, что дает  $44/5/0.198 = 44 \rightarrow 46$  условных поколений, то есть  $1150 \pm 210$  лет до общего предка указанных татарских гаплотипов гаплогруппы J2b. Как видно, это молодая ветвь, примерно 9-й век нашей эры, плюс-минус пара веков. Видимо, это о них сообщалось в интервью выше: «*Считаю, нам хорошо удалось проработать гаплогруппу J2b. Носители этой гаплогруппы встречаются во всех локальных группах мишарей. Это некий "мишарский" маркер... Большинство носителей этой гаплогруппы принадлежат к старинным татарским фамилиям. Считалось, что все они согласно родословным, хранившимся в фонде Саровского монастыря, являлись потомками легендарного ордынского князя Бехана... Все другие фамилии объединились в отдельную группу, близкородственную первой. Во вторую группу попали такие старинные фамилии как Еникеевы, Енгальчевы, Мамины, Долотказины, Девлеткильдеевы, Бибарсовы, Дебердеевы, Торпищевы, Суховы, Килькеевы, Ненюковы, Акжигитовы, Кудяковы и др. Общих предок для обеих групп жил около 1500 лет назад*».

«Кучные» ветви татар характерны также для гаплогруппы N1c1 (гаплотипы 141, 151, 159, 166 в верхней левой ветви), гаплогруппы N1c2 (гаплотипы 184, 187, 195, 196, 197, 200), гаплогруппы R1a (гаплотипы 265, 294, 300, 309, 368, 397, в основном Z93), при этом гаплотип 239, гаплогруппы R1a-M458, сидит поодаль. Все эти ветви могут быть без труда отнесены к соответствующим общим предкам с расчетными датировками. Еще пример – гаплотипы гаплогруппы R1a на дереве ниже образуют группу с датировкой общего предка  $4300 \pm 540$  лет назад, это – древние арийские времена. Далекие предки скифов. Четыре гаплотипа гаплогруппы N1c1 образуют свою четкую группу с датировкой общего предка  $2600 \pm 400$  лет назад. Это уже середина I тыс до н.э. с соответствующими погрешностями расчетов, но опять явно ранее времен Золотой Орды.



Дерево 111-маркерных гаплотипов из Татарского проекта. Пояснения – в тексте. Показаны гаплотипы гаплогрупп E-M35, I1, I2a, J1, J2a, J2b, N1c1, N1c2, R1a-M458, R1a-Z93, R1a-Z280, G, O, Q1a, R, R1b.

Говоря о татарах казанских и мишарях, автор интервью пишет:

*> Формировались эти два татарских субэтнуса в разных исторических условиях, что отразилось на результатах ДНК-тестов.*

Это не верно, если только автор не имеет в виду что-то совсем «своё». Не очень понятно также, что такое «результаты ДНК-тестов» - гаплотипы? Гаплогруппы? Субклады? Результаты ДНК-тестов не зависят от «разных исторических условий», и часто гаплотипы и субклады совпадают для совершенно разных древних археологических культур, или для представителей разных популяций. Гаплотипы определяются набором мутаций в них, и если они относятся к одному субкладу, то часто совпадают. В целом, фраза непонятна и может легко ввести в заблуждение.

*5. Если несколько лет назад у нас было представление о предках с возрастными 6-15 тыс. лет, то сейчас этот период сократился до 2-4 тыс. лет назад, по отдельным линиям есть более точная информация до 1500 лет назад и даже еще меньше.*

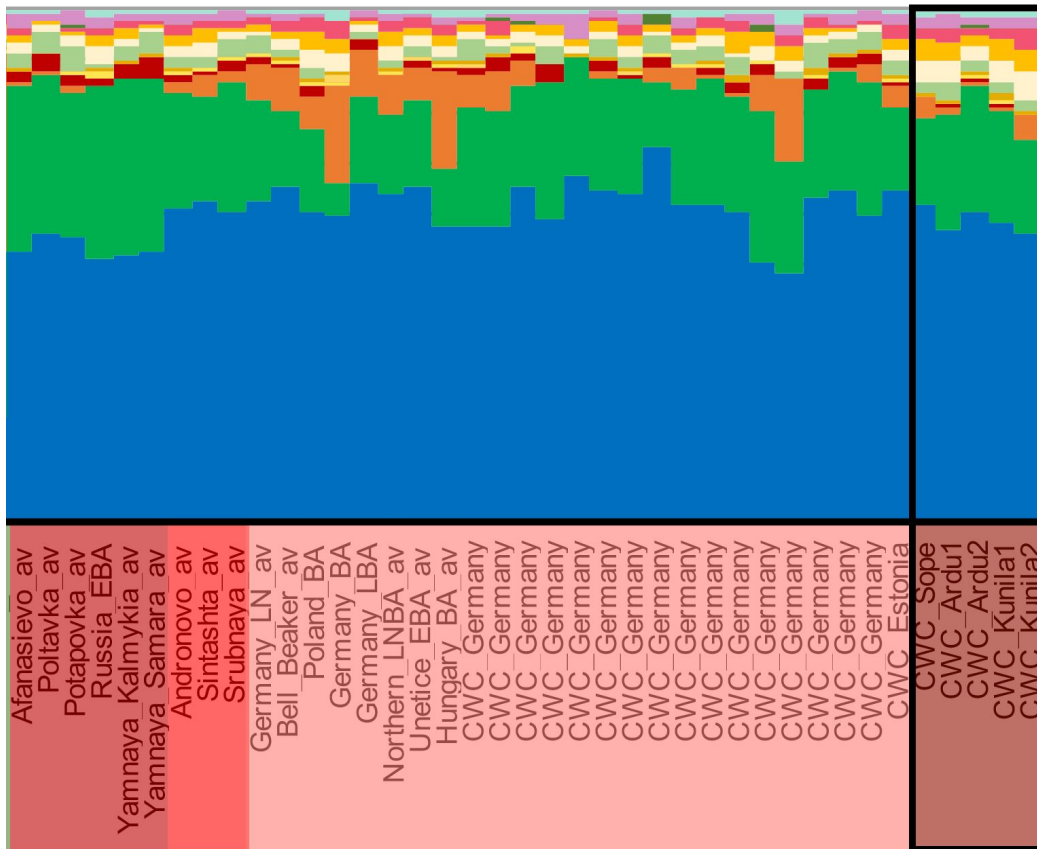
Опять фраза, вводящая в заблуждение. Нельзя эти три обобщенные датировки ставить в один контекст, в одну линию. Первые датировки у популяционных генетиков были в принципе неверными, какие бы они ни были. Популяционные генетики использовали для расчетов неверные «популяционные скорости», или «скорости Животовского», которые завышали датировки в среднем в три раза. Сейчас этот период не «сократился», а появились более надежные методы ДНК-генеалогии, которые определяют времена жизни общих предков хоть до 100 лет назад, это всё зависит от числа мутаций в гаплотипах. Это в ДНК-генеалогии было и десять лет назад, есть и сейчас. Примеры даны выше, их можно приводить десятками и сотнями.

*6. Отмечу здесь, что сравнение по аутосомам ДНК древних людей зачастую показывает наибольшую близость древних обитателей степей Афанасьевской, Ямной, Андроновской археологических культур бронзового века именно к татарам, причем и к казанским, и к мишарям.*

Это в общем случае неверно, и скорее всего неверно и в данных случаях. Пока популяционные генетики демонстрируют формализованный и очень грубый подход, и делают оттуда любые заключения по желанию. Это – не наука. Ниже – пример такого подхода, взятый из совсем недавней работы популяционных генетиков (Saag и др., 2017), но этот пример отражает общее явление.

На диаграмме показаны усредненные геномы самых разных культур и популяций - и ямная (R1b), и культура шнуровой керамики (CWC, R1a), и потаповская (R1a), и полтавкинская (R1b), и афанасьевская (похоже,

R1b, но возможны и другие варианты), и андроново (R1a), и синташта (R1a), и срубная (R1a), и колоколовидные кубки (R1b), и европейский поздний неолит – бронзовый век, LNBA (кто бы он ни был, но наиболее вероятно R1b, культура колоколовидных кубков), и все по усредненному геному практически одинаковы. Какую «близость» хотят поггенетики увидеть – берут соответствующую пару. Это – не наука, это манипуляции. Кстати, здесь данные даны в очень хорошем разрешении, K=14.



7. ...перечисленные предки есть в каждом из нас и они все они отражены в наших аутосомах, хотя по прямой мужской линии они могут быть совершенно различного происхождения.

Это – обычное «пассивное» положение, типичное для популяционной генетики, но оно ничего не даёт. В наших аутосомах есть всё, вплоть до снипов, общих с шимпанзе, идущих со времен общих предков с приматами. Если по мутациям (отраженных в гаплогруппах и гаплотипах) можно видеть генеалогию по прямой мужской линии, то аутосомы захватывают огромный массив мутаций («по наследству», «по случайному совпадению», «обязательных», которые присутствуют практически у всех людей и отвечают, например, за физиологические функции и жизнедеятельность), который поггенетики отдают на

рассмотрение компьютеру, вводя многочисленные приближения и допущения. В итоге – см. диаграмму выше. Смысл этих совпадений или различий остается неопределенным. Потому что крайне формализованный.

Это же относится и к словам:

*Он сравнивал аутосомы западных тюркских народов и их нетюркских соседей с четырьмя этносами Южной Сибири и Монголии: это тувинцы, монголы, буряты и эвенки.*

В подобных сравнениях заложена большая исходная проблема, которая порой помимо желания автора ведет к манипуляциям и подгонкам под другие данные, или к своим представлениям. Это, как правило, порочный метод.

8. *Действительно, наш генофонд очень разнообразный без явных доминирующих групп.*

Опять, это положение слишком неопределенное, чтобы к нему относиться серьезно. На самом деле у всех трех групп татар, приведенных на диаграмме выше, три гаплогруппы определенно доминируют – это R1a, N1c1 и J2. На них приходится более половины всех гаплогрупп. Из этого и надо исходить при анализе татарских «составляющих». У этнических русских, например, тоже три доминирующих гаплогруппы – R1a, I2a и N1c1, на которых приходится три четверти от всех.

9. *Можно добавить, что (у татар) существуют отдельные линии, в которых есть общие предки именно с современными финнами, возраст предков которых менее 1500 лет. Что интересно, в родственных параллельных ветках вместе с финнами находятся башкиры из одной научной выборки и даже казах.*

Это довольно типично для многих линий гаплогруппы N1c1, носители которых продвигались со стороны Урала к Балтике. Предки финнов появились поздно на Русской равнине, и вышли к Балтике уже только в нашей эре, частью в середине I тыс н.э., частью, видимо, еще позже. Их соплеменники оставались жить на Урале или в Приуралье, и, вполне возможно, влились в татарский этнос. Поэтому и общие предки ряда финнов и татар жили менее 1500 лет назад.

10. *Результат одного казанского татарина из Западного Закамья R1a-Z2123 оказался очень близким к балкарцам и карачаевцам. Может это является следом миграции болгар?*

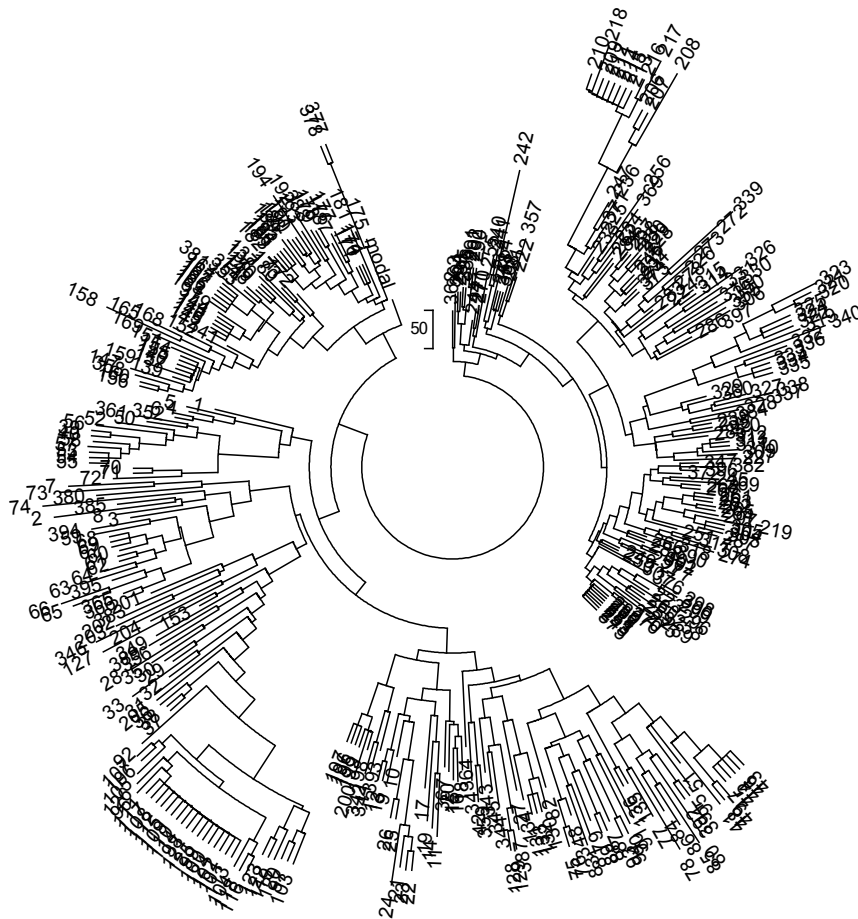
Опять неконкретно – что такое «результат»? Это снип? Гаплотип? Что-то еще? Если речь о снипе, то Z2123 – один из самых распространенных снипов в захоронениях древних археологических культур. Это – срубная культура (Новоселки, Бариновка, Спиридоновка, Уваровка – все Самарская область), с датировками захоронений 3540±325 лет назад, синташтинская культура (Степное, археологическая датировка 4030±115 лет назад, а также выражена в Индии. В Татарском Проекте (FTDNA) имеется 12 гаплотипов, типированных на Z2123, или предполагаемых.

*11. И всё же между крымскими, поволжскими и сибирскими татарами может быть генетическое родство?*

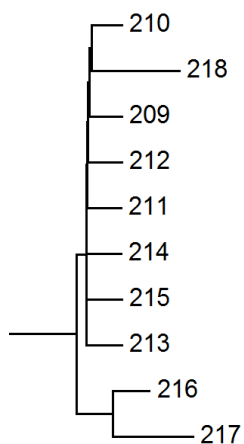
Как уже подчеркивалось выше, понятие «генетическое родство» не относится к Y-хромосоме, в которой генов практически нет, и во всяком случае они не затрагивают снипы, изучавшиеся в рассматриваемой работе. В целом же «генетическое родство» понятие настолько расплывчатое, что под него можно подвести любые популяции. Например, нашли, что между этническими русскими и американскими индейцами есть 13% совпадения снип-мутаций. Генетическое родство? Да, а почему нет? У русских преобладает гаплогруппа R1a, у индейцев – Q, у обеих есть общий предок, гаплогруппа P. Стало быть, «генетическое родство». И так – по всей планете.

Вопрос, видимо, должен ставиться так – есть ли у крымских, поволжских и сибирских татар одни и те же доминирующие рода (гаплогруппы)? Ответ, как мы уже знаем – есть. Они «составлены» в основном из одних и тех же доминирующих гаплогрупп. И это фактически самое главное в изучении ДНК-генеалогии татар, и их этногенеза.

В качестве дополнения приложим 12-маркерное дерево гаплотипов татар из Татарского Проекта (FTDNA). Оно состоит из 397 гаплотипов.

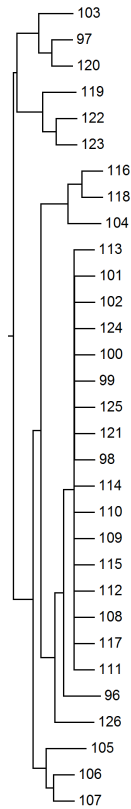


Видно, что на дереве есть плоские ветви, они от сравнительно недавних общих предков. Так, в верхней ветви справа ветвь выглядит следующим образом:



Плоская ветвь - субклад Q1b2-L68, образовалась  $160 \pm 160$  лет назад; столь большая погрешность только потому, что на всю ветвь имеется только одна мутация. Для всех показанных десяти гаплотипов в ветви общий

предок жил  $510 \pm 260$  лет назад. Диаметрально противоположная ей ветвь, в левом нижнем «углу»,



относится к гаплогруппе J2b, это еще одна недавняя ветвь, в дополнение к рассмотренной выше. Ее анализ, как и всех других ветвей, может быть проведен без особого труда.



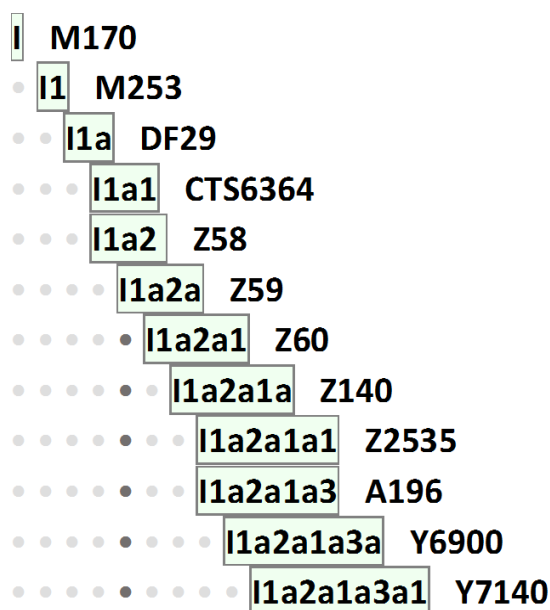
# Беглый анализ ДНК потомка старинного немецко-шведского рода

Анатолий А. Клёсов

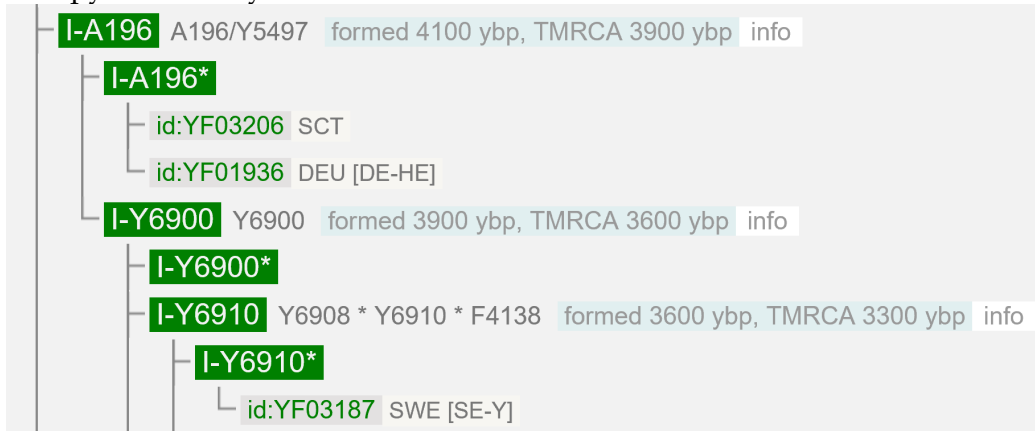
[www.anatole-klyosov.com](http://www.anatole-klyosov.com)

В письме, которое получил на днях, ко мне обратились с просьбой хотя бы кратко разобраться в том, что такое снип Y6910\* гаплогруппы I1. Написали, что администраторы компании FTDNA на эту просьбу не откликнулись, не стали заниматься этим и сотрудники компании YFull, предложив обратиться ко мне. Автор письма по имени Alex von Naumann прислал имеющиеся у него данные, и приложил также документально-генеалогическую справку, написав, что не возражает против публикации его фамилии и того, что получится в результате краткого исследования.

Поскольку гаплотип представлен не был, рассмотрим гаплогруппу и субклад. Ниже представлена диаграмма субкладов и снипов согласно классификации ISOGG-2017, в значительном сокращении. Показано, как снипы образовывались один за другим (и параллельно) между примерно 42900 лет назад (время образования гаплогруппы I) и Y7140 (образовалась примерно 3600 лет назад, по данным <https://www.yfull.com/tree/I1/>)



Снипа Y6910\* в классификации ISOGG-2017 нет, но он находится сразу под Y6900 (второй субклад снизу на схеме выше) в номенклатуре, которую использует YFull:



Мы видим, что датировка образования снипа Y6910\* - тоже примерно 3600 лет назад, как и у вышестоящего снипа. Звездочка здесь означает, что у носителей данного снипа нижестоящих субкладов-снипов пока не обнаружено. В частности, носителем данного снипа является швед.

На диаграмме выше не должно вводить в заблуждение сокращение TMRCA на каждой ступени, которое использует компания YFull. На него просто не надо смотреть. Оно у YFull, на мой взгляд, совершенно бессмысленно, и непонятно, кому в голову пришло такое там придумать. Обратите внимание, что здесь TMRCA вовсе не означает «время до наиболее недавнего общего предка», как принято в литературе. Напротив, мы видим, что это псевдо-«TMRCA» практически всегда «моложе», чем время образования соответствующего снипа. Нетрудно заметить что это «TMRCA» - просто время образования следующего, более «молодого» снипа, то есть не предка, а потомка.

Ниже приведены данные, на основании которых заключили, что у нашего респондента не просто Y6910, а Y6910\*. Видно что почти все проверенные снипы у него отсутствуют (со знаком минус), а со знаком плюс - как правило, вышестоящие снипы (M253, Z58, Z59, Z140, Y6900) или синонимные снипы, которые уже рассмотрены и являются вышестоящими (F4138 = Y6910, Y5497 = A196, Y6908 = Y6910, Z141 = Z140). Иначе говоря, нижестоящих снипов к Y6910 у нашего респондента не обнаружено, поэтому он имеет Y6910\*.

von NAUMANN	Franz von NAUMANN, b.1488 Sagan,Ostbrandenburg,Pru	I-Y6908  Z59+, Z140+, M253+, A6161+, F4138+, Y5497+, Y6900+, Z58+, Y6908+, Y6910+, Z140+, Z141+, Y6911-, Y6912-, Y6984-, Y7140-, Y7141-, Y7277-, Y7278-, Y7279-, Y7396-, Y7397-, Y7398-, Y7478-, Y7480-, Y7481-, Y7482-, Y7483-, Y7484-, Y7485-, Y7486-, Y7487-, Y7488-, YP1082-, YP1083-, YP1084-, YP1085-, Y6909-, Z73-, BY11107-, BY11108-, BY11109-, BY476-, BY477-, BY7158-, F13007-, Y6901-, Y6902-, Y6903- , Y6904-, Y6905-, Y6906-, Y6907-, Y6231-, Y6886-, Y6887-, Y6888-, Y6889-, Y6890-, Y6891-, Y6892-, Y6893-, Y6895-, Y6896-, Y6897-, Y6898-, Y6899-, FGC19081-, FGC22406-, FGC22407-, FGC22447-, Y10890-, Y15703-, Y18586-, Y18587-, A8382-, BY11104-, BY11105-, M286-, M69-, M72-, P109-, P15-, P259-, L13-, L14-, L140-, L141-, L211-, L22-, L30-, L42-, L91-, M201-, M21-, M227-, Z382-, A11339-, A11340-, A11341-, A11342-, A11343-, A11344-, A11345-, A11346-, A11347-, A11348-, A11349-, A11350-, A11351-, A11352-, A11353-, A11354-, A11355-, A11356-, A11357-, A11358-, A11359-, A1379-, A1380-, A1381- , A1382-, A1383-, A1384-, A1385-, A1386-, A1389-, A1390-, A1392-, A1393-, A1394-, A1395-, A1396-, A1397-, A1400-, A1401-, A1402-, A1403-, A1404-, A1405-, A1406-, A1407-, A1408-, A1409-, A1412-, A1413-, A1472-, A1922-, A1936-, A1939-, A1942-, A1956-, A1973-, A1974-, A1993-, A1994-, A2000-, A2013-, A2054-, A2064-, A2339-, A2340-, A2341-, A2342-, A2343-, A2346-, A2348-, A2349-, A2350-, A2353-, A2354-, A2396-, A5475-, A5924-, A1388*, BY11106*, Y7477*, Z7912*
----------------	---	---

Итак, с позицией снипа Y6910\* мы разобрались, как и с тем, когда он образовался – примерно 3600 лет назад. Теперь – где в настоящее время в основном живут носители субклада I1-Z140? На этот вопрос можно ответить лишь приблизительно, посмотрев на данные Проекта гаплогруппы I1

[https://www.familytreedna.com/public/yDNA\\_I1/default.aspx?section=yresults](https://www.familytreedna.com/public/yDNA_I1/default.aspx?section=yresults). Там на беглый взгляд не менее тысячи носителей субклада I1-Z140, из них по первым двумстам распределение мест проживания предков следующее: Англия 22%, Германия 15%, Шотландия 10%, УК (Соединенное Королевство) 8%, Ирландия 8%, Россия 5%, Уэльс 3.5%, Нидерланды 3.5%, Норвегия 3.5%, Швеция 3%, Швейцария 2.5%, Дания 2%. Остальные разбросаны в единичных количествах по десятку стран – Северная Ирландия, Украина, Белоруссия, Польша, Португалия, Франция, Венгрия, Австрия, Финляндия, Болгария, Чехия, Мексика, Пуэрто-Рико.

Тех, у кого типировали (или предполагали) I1-YP6900, и которых в Проекте 36 человек, распределены по странам следующим образом: Германия 8 (22%), Англия 7 (19%), Россия 4 (11%), остальные единичные случаи – Нидерланды, Франция, Швейцария, Португалия, Ирландия, Уэльс, УК, Венгрия, Украина, Белоруссия, Австрия.

В целом носители указанных снипов I1-Z140 и нисходящего I1-Z140-Y6900 в основном живут на Британских островах, на северо-западе Европы (Германия) и в некоторой степени в России. Некоторые любители высказывают предположение о некоем «Рейнском кластере» для носителей I1-Z140, но при таком большом разбросе географии этого субклада данное предположение маловероятно, и в любом случае его ни подтвердить, ни опровергнуть в отсутствии гаплотипов невозможно.

То что субклад YP6910 образовался примерно 3600 лет назад, позволяет приурочить его образование к времени прохождения бутылочного горлышка носителями гаплогруппы I1 (3690±370 лет назад, Kilin & Klyosov, *Advances in Anthropology*, 2017). Случайно или нет, это время и ему предшествующее совпадает с временем заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, они же археологическая культура колоколовидных кубков (4800-3600 лет назад). В те же времена произошло разрушение и гибель «Старой Европы», в Европе прекратили существование старые европейские гаплогруппы – I1, I2a, E1b-V13, G2a, R1a...

Во времена 3700±370 лет назад гаплогруппа I1 стала умножаться в численности, и по какой-то причине это произошло в большей степени в Скандинавии, где сейчас находится самое значительное количество носителей I1. Однако, как видно из данных приведенных выше, в Швеции, Норвегии и Дании носителей I1-Z140 относительно мало по сравнению с другими носителями гаплогруппы I1.

# Дискуссии на «Переформате» по миграциям ариев

## Часть 2

### Предисловие редактора

В ходе публикации серии статей «Миграции ариев от 6000 до 3000 лет назад» на сайте «Переформат» шли дискуссии по этой теме, и продолжались они восемь месяцев. Было высказано много интересных гипотез и предположений, задано много вопросов, в дискуссиях опубликованы целый ряд результатов оригинальных исследований. Сейчас представляется важным свести эти дискуссии вместе, под «одну крышу». В этом выпуске публикуется продолжение этой дискуссии.

\*\*\*\*\*

*михаил* говорит:

Уважаемый Анатолий Алексеевич, не следует ли “битву на реке Толлензе” отнести скорее к возвратной экспансии ариев (венетов) в Европу, чем к наступлению эрбинов? Возможно, я ошибаюсь, но у меня сложилось мнение, что Вы склоняетесь ко второй трактовке. Между тем, конец –II тыс. (даже его 2-я половина, хотя и ближе к концу) – это время распространения в Центральной Европе культуры погребальных урн, соотносимой (согласно G. Devoto) с венетами; т.е. время возвратной экспансии ариев.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> ... не следует ли “битву на реке Толлензе” отнести скорее к возвратной экспансии ариев (венетов) в Европу, чем к наступлению эрбинов?

Нет проблем, можно и так рассматривать, только что это изменит? Дело в том, что битва датируется 3200 лет назад, и та же самая дата принята за начало раннеславянской лужицкой культура на той же территории. Поскольку лужицкая культура – это предположительно звено YP234/YP238 (оба снипа датируются примерно 3300 лет назад), и следующий из идентифицированных снипов уже относится к поморской культуре (L365, 2800-2400 лет назад), то к ней, лужицкой культуре, ведет от культуры шнуrowой керамики и фатьяновской культуры цепочка снипов

R1a-Z280 > CTS1211 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP238 > L365,

с датировками соответственно (в годах обратно) 5000 > 4700 > 4300 > 4300 > 3900 > 3300 > 3300 > 2800-2400. Это вполне можно описать как продвижение на запад, напрямую или зигзагом, от КШК-фатьяновской культуры (Z280 > STS1211 > STS3402) до лужицкой (YР234 > YР238), несколько к северу от сегодняшнего Берлина, в сторону Балтийского моря. То, что это продвижение R1a, сомнений не вызывает. Но что, повторяю, это меняет? Вы хотите сказать, что R1a там были агрессором? Да пожалуйста, любое продвижение, в том числе и носителей R1a к Балтике, можно назвать агрессией, это зависит исключительно от мировоззрения называющего. Для некоторых и продвижение частей Красной Армии в Польшу в 1939 году – это агрессия, а для других – защитная операция, которая потом спасла страну. Те, кто говорят «агрессия», забывают (якобы) что Польша тогда была откровенным врагом СССР, выступила с заявлением, что будет сбивать советские самолеты, если они полетят на помощь Чехословакии, и так далее, там признаков врага много. Это я к тому, что «агрессия» – в глазах «критика». Вспомним недавний Крым.

Так вот, да, это было продвижение потомков ариев на запад, в Прибалтику. На этом пути была битва, определенно с R1b, и которая закончилась тем, что на этом месте возникла лужицкая культура потомков ариев, ранних славян субклада R1a-Z280. Вот и решайте, как все это назвать. Опять зависит от мировоззрения.

*>> Возможно, я ошибаюсь, но у меня сложилось мнение, что Вы склоняетесь ко второй трактовке.*

Считайте, что у меня трактовка «наша взяла». А уж там кто кого первый палицей ударил, сие мне неизвестно.

*>> Между тем, конец –II тыс. (даже его 2-я половина, хотя и ближе к концу) – это время распространения в Центральной Европе культуры погребальных урн, соотносимой... с венетами; т.е. время возвратной экспансии ариев.*

Да, это так, только это не одна культура, это конгломерат, или «континуум» разных культур, в который входила также лужицкая культура. И это не только конец II тыс. до н.э., это и позже, в интервале примерно 1300-700 лет назад, что постепенно завершалось переходом лужицкой культуры в поморскую. А уж называть это «экспансией ариев» – дело хозяйское. Одни так назовут, другие – возвращением потомков ариев на земли предков.

*михаил* говорит:

Я не употреблял слово “агрессия”, и даже не имел его в виду. Экспансия – не обязательно военная агрессия, она может иметь экономический, культурный и пр. характер (напр. экспансия арийских культур в

Сибири –II тыс.). Причины возвратной экспансии ариев в Центральную Европу со второй половины –II тыс., на мой взгляд, слишком интересны, чтобы пренебречь тонкостями “кто начал” (хотя их анализ, конечно, выходит за пределы методов ДНК-генеалогии). Ведь, помимо прочего, её начало точно совпало по времени с “катастрофой бронзового века” – комплексом радикальных политических перемен по всей Европе и даже Малой Азии, что не может быть случайностью.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Безусловно, уважаемый Михаил, Вы слово «агрессия» напрямую не употребили, и поскольку Ваш исходный вопрос рядом, любой может в этом убедиться. Если бы я Вам отвечал в личном письме, я бы его тоже не употребил, но в данном случае я предоставляю историческую картину читателям и участникам дискуссии, и я должен выйти за рамки Вашего вопроса. В данном случае Ваш термин «экспансия» относился именно к физическому продвижению ранних славян, а не к их экономическому и культурному влиянию. А когда физическое продвижение приводит к боевым столкновениям, там словарь уже соответствующий. А уж кто там агрессор и кто нет, это, повторяю, зависит от политических целей того, кто так определяет. Как и в терминах «подлый шпион» и «героический разведчик».

Вы правы, что продвижение ранних славян (лужицкая культура, примерно 3200 лет назад) совпало с комплексом политических перемен в Европе и Малой Азии. В те же времена произошла Троянская война (начало которой датируют или рубежом 3300-3200 лет назад, или даже 3198 лет назад, согласно данным астрономического анализа), «народы моря» (под которыми понимают то пеласгов, то предков филистимлян) струнулись с восточной части Малой Азии, то ли в результате Троянской войны, то ли ее вызвав; тогда же, 3200 лет назад, появились этруски; тогда же появились венеты, они же энепы, которых по преданиям вывели на территорию современной Италии, и затем в Иллирию и Фракию. Тогда же, на Адриатике, вдруг появились носители карпатских ветвей гаплогруппы R1a, потомки которых и сейчас живут в Италии и на другой стороне Адриатики, в Хорватии, Сербии и Боснии. Что-то здесь окажется случайным совпадением, что-то связанными событиями.

*Юрий ВК* говорит:

*>> Возможно, в этом немалую роль сыграли этруски, которые несколько веков были в моде в древнеримском обществе. Их считают «неиндоевропейцами» только потому, что они писали справа налево, а это уже по определению относит их к «неиндоевропейцам», хотя их устный язык никому неизвестен.*

Насколько я знаю, известно, как называли этруски числительные, и они не имеют ничего общего с ИЕ-языками. А это очень важный показатель,

который почти не дает шансов относить язык этрусков к индоевропейским.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> они писали справа налево, а это уже по определению относит их к «неиндоевропейцам».*

*>> Насколько я знаю, известно, как называли этруски числительные, и они не имеют ничего общего с ИЕ-языками. А это очень важный показатель, который почти не дает шансов относить язык этрусков к индоевропейским.*

Во-первых, я уже написал выше, что язык этрусков не относится к индоевропейским, потому что они писали справа налево, а это автоматически выводит их из группы индоевропейских языков. Во-вторых, поскольку основное числительное в русском языке это «дохрена», то это тоже выводит русский язык из категории индоевропейских. Поэтому я предлагаю здесь не жонглировать «аргументами» на уровне «насколько я знаю», потому что по этрускам уже столько написано «за» и «против» чего угодно, что выдергивать что-то одно – это уже неприлично. Я, например, могу вспомнить, что согласно Титу Ливию у этрусков был храм богини **Норции**, и напомнить, что в Повести временных лет Нестор писал, что «бысть язык словенск от племени Афетова, нарицаемии **норцы**, яже суть словяне». Поэтому предлагаю эту тему закрыть, потому что никто из нас здесь не является специалистом по этрусскому языку, религии и прочим этрусским делам. Если же кто страстно хочет эту тему развить – пишите статью по этрускам и их языку в Вестник, я ее отдам на рецензию паре профессиональных этрусковедов, кандидатам филологических наук, и посмотрим, что из этого получится.

*И. Рожанский* говорит:

*>> филистимляне, «люди моря», вышедшие из Малой Азии (со стороны Эгейского моря, и фактически со стороны Трои) в конце II тыс. до н.э...*

Раз речь зашла о “народах моря”, то не могу не отметить одну очень необычную ветвь гаплогруппы J2, а именно J2a-L70. Она одна из самых густонаселенных ветвей этой гаплогруппы, и равномерно рассеяна среди всех без исключения народов Средиземноморья, но без явного перевеса у кого-либо. Есть она и у евреев-ашкенази, среди которых образует две независимые ветви с типичными для ашкенази датировками около 1000 лет назад. Время жизни предка J2a-L70 не совсем обычное для гаплогруппы J2 – 3200±250 лет назад. О ней коротко заходила речь в статье о шумерах при обсуждении дерева субклада J2a1h2 (M25), [ссылка](#). Она образует очень однородное облако гаплотипов без выраженных подветвей с территориальной привязкой, что является



характерной чертой линий, переживавших стадию быстрого роста в начале своей истории. Если это не “народы моря” (в числе которых были и филистимляне), то кто же?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *филистимляне, «люди моря», вышедшие из Малой Азии (со стороны Эгейского моря, и фактически со стороны Трои) в конце II тыс. до н.э.*

>> *Раз речь зашла о “народях моря”, то не могу не отметить одну очень необычную ветвь гаплогруппы J2, а именно J2a-L70...Время жизни предка J2a-L70 не совсем обычное для гаплогруппы J2 – 3200±250 лет назад. ...Если это не “народы моря” (в числе которых были и филистимляне), то кто же?*

«Люди моря» – название собирательное, и исходно относилось к неким завоевателям, атаковавшим с моря Древний Египет Рамзеса II 3200 лет назад, то есть опять во времена Трои и прочих военных катаклизмов того времени. Потом к ним стали относить и филистимлян, и пеласгов, и тирренцев, и этрусков, и сардинцев, и греков, и сицилийцев, и многих других. Филистимляне, кстати, переводится как «палестинцы», но которые по легендам пришли со стороны Эгейского моря. Так что одной гаплогруппой J2 здесь, видимо, не обойтись.

Далее, субклад J2a-L70 отстоит от нашего времени на 51, 51 и 52 снипа, измеренные у трех добровольцев. Если умножить на 144 года на снип, то получится 7344, 7344 и 7488 лет (без округления). Действительно, по данным YFull этот субклад образовался 7000±1100 лет назад, хотя «общий предок» современных носителей этого субклада образовался 5400±1500 лет назад. Я, правда, не знаю, откуда такой разброс взялся, потому что все три носителя L70 дали те самые 51, 51 и 52 снипа во всей цепочке, а все три носителя ближайшего нижестоящего от L70 снипа Z435 дали 37, 37 и 37 снипов, то есть 5328 лет, к которым YFull прибавили сакраментальные 60 лет (как стандартный возраст добровольца тестирования), получив 5388 лет, и записав в итоге 5400 лет с огромной погрешностью. Но в любом случае, это заметно выше, чем 3200±250 лет назад. Последнее, наверное, одна из ветвей субклада J2a-L70.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *у европейцев, как и у русских, женских мтДНК типа “Н” половина. У средне-азиатских народов (например, таджиков) половина мужчин с R1a, а вот женских мтДНК типа “Н” там мало.*

Интересно, Вы для описания ДНК женщин переходите на «Н» уровень, а для мужчин – на «R1a» уровень. Вы бы тогда для мужчин использовали тоже «R» уровень, и получилось, что у немцев, скандинавов, русских и

таджиков у всех одинаковое количество R. А ведь у мтДНК есть 39 субкладов гаплогруппы H.

>> на многих форумах сталкивался с недоумением людей, мол, у немцев, скандинавов R1a примерно 20%, у русских и таджиков 50%.

Насчет 50% у таджиков не знаю, выборка из 1023 гаплотипов с территории исторической Бактрии имеется 198 таджикских, то есть 19%, и из них R1a имеют 53 человека, то есть 27%. Но это не так важно, меньшая выборка по киргизам в проекте FTDNA дает 32 носителя гаплогруппы R1a из общего числа в 63 человека, то есть 51% гаплогруппы R1a. Будем считать, что Вы про киргизов пишете. Немцы тоже разные бывают, в Восточной Германии доля гаплогруппы R1a 24%, в Западной 9%.

Только если R1a мало, то чего-то другого много, и действительно, в Восточной Германии 36% R1b, в Западной – 47%. Что здесь удивительного, что в Германии больше R1b, чем, скажем, у русских, таджиков или киргизов (5%, 5%, 3%, соответственно)? Гаплогруппы на историческом пути этноса расталкивают друг друга, фигурально говоря, и кто более удачно растолкает, того и больше. У басков и ирландцев гаплогруппа R1b наиболее успешно растолкала, их сейчас 90%. А в Скандинавии гаплогруппа I1 растолкала наиболее успешно, их сейчас там в среднем 37%, но другие тоже толкались, поэтому в Скандинавии гаплогруппы I1 не 90%, а намного меньше, 37%, а гаплогруппы R1b – 25%. У таджиков потолкалась гаплогруппа J2, там ее 15%, гаплогруппы C – 8%. А у киргизов J2 потолкалась похуже, там ее только 3%, зато гаплогруппы C 22%. Так что доля гаплогруппы – это не какая-то данность, а продукт выживания, конкуренции, исторического развития этноса. Грубо говоря, у немцев и скандинавов R1a слабину дали, себя не так хорошо защищали, а у русских и киргизов R1a оказалась на высоте. Вот и вся причина.

>> ...взять среднего русского, немца и таджика – кто на кого похож?

Термин «похож» – не из словаря ДНК-генеалогии. Это скорее антропология. Причем в значительной части диктуемая женщинами, которых выбрали в жены. Или которые сами выбрали мужей. Гаплогруппа не почкуется, чтобы продукт оставался неизменным, она «продукт взаимного непротивления сторон», не всегда, но в основном. Результат и наблюдаем. Высшие касты Индии уже 3500 лет свою чистоту соблюдают, результат видим, хотя хорошо это или плохо, правильно или неправильно – это им виднее. А американские индейцы (в США) уже наполовину свою исходную гаплогруппу Q потеряли, результат тоже видим, на ту же половину на социальных пособиях сидят.

Леонид говорит:

>> Тогда этнические русские, украинцы, белорусы, поляки, сербы, хорваты, словенцы, чехи, словаки, греки и другие европейцы гаплогруппы R1a (кроме разве что северо-западных европейцев гаплогруппы R1a-L664), а также носители гаплогруппы R1a среди башкир, татар, карачаево-балкарцев, таджиков, узбеков, пуштунов, уйгуров и многих других народов Европы и Азии являются потомками ариев.

Здесь заинтересовали меня греки. Что ДНК-генеалогия сейчас говорит о греках с R1a: когда они появились на территории нынешней Греции и какой процент среди современных греков потомков тех переселенцев с R1a?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Вопрос в своей первой части сложный, и в ДНК-генеалогии за него, по моему, никто толком не брался. Данные историков противоречивы и разношерстны, и обычно строятся «по понятиям», основываются в значительной степени на трудах античных историков, на легендах и мифах, и что там верно и что нет – узнать трудно, да и где критерий? В первом приближении – ДНК-генеалогия говорит, что первые греки были потомками египтян, и это наследие они пронесли через тысячелетия, даже сегодня 21% греков имеют гаплогруппу E1b (у египтян ее сейчас 46%). С Ближнего Востока подошли носители J2, их сейчас в Греции 23%. Разумеется, значительный вклад внесли эрбины, сейчас гаплогруппы R1b в Греции 16%. На долю R1a приходится 12%. Но этот перечень процентов ничего по сути не дает, это путь популяционной генетики – записали и разбежались. Это, как пояснено в предыдущем комментарии, результат взаимного «расталкивания» гаплогрупп на протяжении столетий и тысячелетий. Иначе говоря, современная доля R1a может совершенно не отражать доли R1a в Греции в начале нашей эры, во времена Римской империи, и тем более три тысячи лет назад, в доримские времена. Какая была история Греции – это может показать только синтез истории, археологии, ДНК-генеалогии, антропологии и сопряженных дисциплин. Пока этого нет.

*Линьков А.И.* говорит:

Создается впечатление, что арии (R1a) вездесущи, но ведь все познается в сравнении. Что можно сказать о других родах? Кто заложил основы человеческой цивилизации? Какие гаплогруппы имеют отношение к колыбели цивилизации – Египту, Шумеру, Инду...? Побывали и тут, но немного опоздали. Кто же их опередил?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> ...создается впечатление, что арии (R1a) вездесущи, но ведь все познается в сравнении.

Первая часть Вашей фразы противоречит второй. Для сбалансированного впечатления и нужно рассматривать вопрос в целом. Ваше «впечатление» – это дело личное. Арии не были в вакууме, они постоянно взаимодействовали с другими племенами, которые шли встречными или (порой) параллельными курсами, почему же тогда те, другие, не «вездесущи»? С таким же успехом можно охарактеризовать любую другую гаплогруппу, потомки которой дожили от древности до настоящего времени.

>> *Что можно сказать о других родах?*

Читайте «Переформат». Читайте книги «Ваша ДНК-генеалогия» и «ДНК-генеалогия от А до Т».

>> *Кто заложил основы человеческой цивилизации? Какие гаплогруппы имеют отношение к колыбели цивилизации – Египту, Шумеру, Инду...?*

Ответ – тот же, что и выше. Многое науке пока неизвестно, но во многом дело просто в правильной постановке вопроса, в определении терминов. Например, что такое «человеческая цивилизация». Разные специалисты вкладывают в это понятие разный смысл. А у Вас это напоминает вопрос – «Кто мы? Куда идем?».

*И. Рожанский* говорит:

>> *на многих форумах сталкивался с недоумением людей, мол, у немцев, скандинавов R1a примерно 20%, у русских и таджиков 50%.*

Не сочтите это за саморекламу, но зачем ломиться в открытую дверь с неизвестно откуда взявшимися цифрами, когда на этом портале имеются подробная и критически перепроверенная статистика по более, чем 100 выборкам народов Евразии? Это раздел [“Гаплокарты”](#), о существовании которого, наверное, многие не имеют представления, раз ссылаются на некие “многие форумы”. Повторю, что выложенные там таблицы и диаграммы составлены на основе критического анализа доступных данных. Если там нет интересующего кого-то народа или региона, значит надежная статистика по ним либо отсутствует, либо она слишком фрагментарна для серьезного анализа.

*Виктория В.С.* говорит:

Уважаемый Игорь Львович, это отчасти всё-таки самореклама, но только потому, что карты эти Вашего исполнения. В то же время, сами по себе карты нуждаются в том, чтобы на них обращали внимание. А как это сделать без чего-то аналогичного рекламе? В том варианте, что Вы исполнили, карты высвечивают многие качественные аспекты. Это

вообще свойство графического отображения информации. Я не случайно употребила формулировку “что Вы исполнили”, потому что мой длительный опыт составления аналитических представлений информации показал мне, что из одной и той же информации с помощью графики можно извлечь множество разных качественных разрезов. Разной степени полезности. Разной области применения. Мне видится, что Вам можно было бы написать для этих гаплокарт отдельную статью, где будут Ваши качественные комментарии и где читатели смогут пообсуждать и выскажут свои мысли. Частями Вы это уже делали. Однако мне бы хотелось чего-то целостного.

Отдельный вопрос я бы хотела задать сейчас. Он с темой ариев связан только косвенно. Я на ваши гаплокарты “смотрела” параллельно с данными базы Yfull. Либо я что-то неверно понимаю, либо гаплокорта для N1c1 даёт искажённый качественный деффе́кт для L550 и L1025. Вы использовали цветное дерево, где выделено L550 и оно естественно “старше”, чем L1025. Потому гаплокорта даёт зрительную картину, что в Швеции есть население N1c1-L550 более древнее, чем на юге Балтики. А что я вижу? заглядывая в Yfull (если я не ошибаюсь)? Что в Швеции ветви из L550 “моложе”, чем L1025. Картину, видимо, также искажает то обстоятельство, что в Швеции многие “ниже” L550 не определяли свои снипы. Если всё так, как я сейчас понимаю, то для составления гаплокарт нельзя использовать дерево субкладов без его модернизации. Всё-таки это дерево есть графическое представление для определённой цели. И если в нём отсутствует “графа прочие”, то это не влияет на результат – она подразумевается при восприятии.

*Екатерина* говорит:

Меня этот вопрос тоже очень заинтересовал. Не зная филогению группы, можно подумать, что из Норвегии и Швеции вышли предки балтийской популяции.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемая Виктория Викторовна, понятия «моложе» или «старше» при рассмотрении снипов и гаплотипов могут создавать обманчивую картину. Игорь Львович Вам, наверное, ответит и даст свою точку зрения, я же сейчас обращаю внимание Ваше и читателей на мое совсем недавнее, предпоследнее сообщение [в «Прямой линии», часть 2](#). Там я показывал, насколько условны и приблизительны (порой) датировки, которые делаются по снипам, и показывал на конкретных примерах.

Там есть несколько проблем. Одна в том, что есть понятие «время образования снипа», оно в принципе абсолютное, и его технически можно было бы датировать с точностью до секунд, но, как примерно говаривал Василий Иванович, «языков не знаем». Другое понятие – это

время до того же снипа, которое выявляется у общего предка группы наших современников. В принципе, время должно быть то же самое, что и время образования снипа, но по какой-то непонятной (для меня, во всяком случае) причине, в Y-хромосомах всей группы современников иногда имеется некий провал, и тот же снип оказывается уже намного более недавним. Например, для снипа L550, который Вы упомянули, время образования по расчетам YFull равно примерно 3300 лет, а в группе современных носителей этого снипа и нижестоящих снипов этот снип отстоит на 2800 лет назад. Нечто подобное наблюдается и с нижестоящим снипом Y9454 – снип образовался 2800 лет назад, а группа современников показывает, что у них этот снип сидит с датировкой 2300 лет назад. И дело здесь не в погрешности, там система.



Вот и более яркий пример – снип гаплогруппы A00 образовался примерно 236 тысяч лет назад, а когда измерили число снипов до этого A00 у двоих носителей этого субклада, оказалось, что у них этот снип находится на расстоянии всего ничего, примерно 800 лет назад:



Но там 800 лет, если не заглянуть «под ковер», а если заглянуть, то у одного там всего 8 снипов, что дает 1224 года до A00, а у другого и вообще два снипа, то есть 357 лет. Эти два числа усреднили (!), и получили 790 лет, записали 800 лет.

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

Почему по этой методологии у этих двух тестируемых получается всего 2 или 8 снипов до A00 – я понятия не имею. Этот снип древний, и должен сидеть на своем месте в их Y-хромосомах, то есть 2509 снипов вглубь, как записано в верхней таблице.

Так вот, возвращаемся к Вашему комментарию. Разумеется, сноп L550 старше, чем L1025, потому что первый – вышестоящий. Но когда мы переходим к понятиям «старше» – «младше» на основании датировок по снопам, то опять начинается некая ерунда. Если заглянуть в белый квадратик со словом «info», что и есть «под ковер», то видим, что под L550 находятся ряд нижестоящих снопов, у каждого своя цепочка снопов до настоящего времени, и число снопов в этой цепочке гуляет как хочет. Когда просчитали пять нижестоящих (то есть более молодых) снопов (один из них L1025), то нашли, что у L1025 число снопов у 65 человек гуляет от 11 до 27, у другого снopa, с 19 тестированными, это число варьирует от 13 до 27, у третьего (5 человек) от 14 до 27, у четвертого – от 14 до 17, и у пятого снopa (три человека) там было 8, 11 и 17 снопов. Как видите, о точности определения «моложе» – «старше» говорить не приходится. В итоге нашли, что непосредственно под L550 имеется 20 снопов (с разбросом от 10 до 30, уже с поправками), что дало в среднем 2954 года (про точность я уже умалчиваю), а под L1025 18 снопов (с разбросом от 11 до 27), что дало 2726 лет до снopa. Другая серия подсчетов дала для L550 2727 лет (см. ниже), то есть в точности, как для L1025.



В итоге записали, что L550 образовался 3300 лет назад, потомки показывают, что в их Y-хромосомах L550 сидит с датировкой 2800 лет назад, а L1025 образовался 2800 лет назад, и потомки показывают столько же, правда, с погрешностью плюс-минус 500 лет. В общем, где-то в I тыс. до н.э. Или в конце II тыс. до н.э. Но это образовались, пришли на Балтику они, имея эти снопы, заметно позже, балты – на Южную Балтику в середине I тыс. до н.э., а финны, севернее, уже в I тыс. н.э. Потому я часто повторяю, что эти расчеты имеют «концептуальное» значение, а не в терминах «старше» – «моложе», да еще для соседних снопов.

*Виктория В.С. говорит:*

В том-то и дело, что я знаю все эти нюансы, которые Вы привели. Потому и “пошла” в Yfull, чтобы проверить – вдруг что-то изменилось. Но ничего не изменилось. А карта для непосвящённого читателя выдаёт “информацию”, смысл которой кратко и точно сформулировала здесь чуть выше уважаемая Екатерина. Смысл моего высказывания чуть шире – этого можно и нужно избежать. Я даже предложила как – ввести в используемое дерево субкладов ветвь прочие/другие/иные. Это, как больше нравится. Я в программах применяла даже значение

“неизвестно” – иногда так удобнее для пользователя программы. Такие “заглушки” создаются на разных ветвях дерева базы данных. Оно становится целостным и достоверным, потому что отсутствие информации об объекте в нём легализовано на тех же правах, как и её наличие. Кстати, база Yfull это делает.

*Илья Рыльчиков* говорит:

Уважаемый Анатолий Алексеевич, от всей души хочу поблагодарить Вас за замечательную статью. Жду выход следующей части. У меня вопрос, который я хочу задать именно в этой ветке обсуждения. Он имеет отношение к N1c1. Я искал ответ на него в статьях и комментариях, но что-то не нашёл. Скажите, пожалуйста, можно ли связывать славянскую ветвь N1c1, и в частности, её субклад L550, с Городецкой и Дьяковской археологическими культурами? Даты прихода этой ветви на Русскую равнину вроде бы совпадают со временем существования этих культур.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Думаю, что как гипотезу – можно. Принятые датировки городецкой культуры – с 7-го века до н.э. до 2-го века н.э., и если это действительно носители субклада N1c1-L550 (образовался в конце II тыс. до н.э. и прибыл к Балтике в середине I тыс. до н.э.), то городецкая культура – это фактически «хвост» мигрантов, которые не ушли к Балтике, и остались на своей территории. По ряду соображений это предки марийцев, у которых и сейчас две трети гаплогруппы N1c1. Так что мы опять видим, что никакой ассимиляции «славянами» там не было, треть гаплогруппы R1a – это нормальный результат культурной и прочей диффузии за последующие полторы тысячи лет.

Дьяковская культура – это близкие датировки (с 4-го века до н.э. и до 5-го века н.э.), и по сути могла быть продолжением той же миграции к Балтике. Это – зеленые территории на карте ниже. Правда, с ильменской культурой там возникают некоторые проблемы, так как она считается славянской культурой, а по карте выглядит как продолжение тех же миграций к Балтике. Тем более что сразу за ними – эсто-ливская (или ливская) культура, современные латыши с эстонцами.

Все это, конечно, придет в соответствие при изучении ископаемых ДНК на тех территориях. А Вам, уважаемый Илья – плюс как члену Академии ДНК-генеалогии за творческое мышление.





И. Рожанский говорит:

>> Либо я что-то неверно понимаю, либо гаплогруппа для N1c1 даёт искажённый качественный дефект для L550 и L1025. Вы использовали цветное дерево, где выделено L550 и оно естественно "старше", чем L1025. Потому гаплогруппа даёт зрительную картину, что в Швеции есть население N1c1-L550 более древнее, чем на юге Балтики.

Уважаемая Виктория Викторовна, а что такого "дефектного" Вы увидели в форме представления данных для карты гаплогруппы N? Она отображает реальный факт, что у шведов и норвежцев имеются ветви субклада L550, не относящиеся к L1025. Их несколько, плюс заметная доля "недотипированных" гаплогрупп, также с минусом по L1025. Их общий предок (включая L1025), по моим расчетам, попадает на 3300±300 лет назад, что и отображено на схеме в левой части карты. Какие могут быть к этому претензии, не говоря уж о "дефектах"?

Считать Скандинавию родиной субклада L550 на том только основании, что там больше доля ее родительской ветви - это образец прямолинейного мышления. Почему Вас тогда не взволновал малиновый сектор субклада VL29 на территории Швеции? Он еще старше, и является родительским к L550. Может быть, еще статистику по гаплогруппам Нью-Йорка привести? На 100% родиной человечества окажется, куда Африке до него? Если без шуток, то при желании можно, конечно, дать статистику по ветвям с более детальной проработкой филогении, но во-первых, их подтвержденных представителей недостаточно для полноценной статистики, во-вторых, карта окажется настолько перегруженной деталями, что превратится в непригодную для работы "вещь-в-себе", и в-третьих, карты для отдельно взятых ветвей глубокого иерархического

уровня можно найти на гаплогруппных и региональных проектах в разделе "Mars". Если интересуют такие тонкие детали, обращайтесь к ним.

Задача гаплокарт, которые я составлял по критически выверенным данным – дать более генерализованную картину, что, к сожалению, исчезает при работе с картами на проектах FTDNA. Впрочем, это уже тема отдельного разговора, не относящаяся к обсуждаемой статье. Предлагаю отложить ее на будущее.

*Виктория В.С. говорит:*

Уважаемый Игорь Львович, я бы тоже хотела, чтобы этот "отдельный разговор" состоялся. К картине, которую Вы хотели показать в смысле регионального различия, вопросов нет. Но использование непервичной информации (дерева субкладов с рассчитанными временами субкладов для современных людей) для дальнейшего обобщения привело к эффекту, на который, я уверена, Вы не рассчитывали.

Это не пустая придирка. Карта N1c1 мной приведена в качестве очевидного примера и очень заметного. На других картах это не столь очевидно. И не столь важно. Любой аналитический (и тем более графический) разрез информации имеет обыкновение тиражироваться и трактоваться. Вряд ли обычный читатель в интернете будет думать про недотипированность и прочие "тонкости" предметника. Глядя на эту гаплокарту он решит, что горчичные L550 в Скандинавии появились раньше, чем зеленые L1025 на юге Балтики. Здесь уже появился такой комментарий, кстати. Это, как раз и есть тот "качественный дефект", который я имела в виду.

Разговор про Нью-Йорк уводит обсуждение в сторону, совсем бессмысленную. Детализацию, конечно, не нужно доводить до абсурда. Для этого и служит понятие "прочие". Любой опытный программист-постановщик знает, что без этого разветвления в логике невозможно создание непротиворечивого алгоритма. Построение таких карт, которые Вы выполняете, это тоже своего рода "программа с алгоритмом". В ней есть "дыра". Её надо ликвидировать.

*И. Рожанский говорит:*

>> *Глядя на эту гаплокарту он решит, что...*

Означает ли это, что, по Вашему мнению, гаплокарты в предложенном формате несут негативный идеологический заряд, и их либо следует подвергнуть цензуре, либо изъять из свободного доступа, как в последние годы существования СССР делали с данными по сбору зерновых? Может быть, предоставим читателям самим решать, как

обращаться с **объективными**, без подчисток и оговорок, данными? Кого заинтересует, тот сам найдет детали филогении и датировок, а того, у кого уже есть заранее готовый ответ, все равно переубеждать бесполезно.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> Не зная филогению группы, можно подумать, что из Норвегии и Швеции вышли предки балтийской популяции.*

Филогения важна, но не только филогенией, то есть последовательностью снипов в их иерархии, определяется ответ. Вообще на одном каком-то факторе, выдернутом из комплексной системы, нельзя строить решение поставленной задачи, это удел дилетантов. Типичный пример – это статья Underhill (2010) с 34 соавторами, среди которых и Животовский, и Балановские, мать и дитя. Они применили печально известные «скорости Животовского», и получили, что субклад R1a-M458 имеет возраст 10700 лет. Отсюда они сделали потрясающий по безграмотности вывод, что никакие арии в Индию не приходили, потому что при таком возрасте M458 их представители непременно были бы в Индии вместе с ариями, а их там нет. Мало того, что расчет был совершенно неверный, они еще проигнорировали (или не знали) огромный массив данных по археологии арийских миграций на восток, архитектуру, пантеон богов, гидронимику, лингвистику и вообще все, что следовало было рассмотреть. И тогда, наверное, поняли бы, что расчеты их неверные, тем более что я им это подробно растолковал в 2009 (Human Genetics). Но – «чукча не читатель, чукча – писатель».

Более того, филогения часто обманчива, потому что мы обычно не знаем, поверхностное типирование отражено в базах данных, или глубокое. Некто видит, например, что у шведов часто встречается L550, а у прибалтов (включая поляков) L1025, и принимает это за чистую монету, что, мол, L550 древнее. А там вполне может быть, что у шведов недотипировано, и там на самом деле более молодые субклады, которые все равно проходят через L550 и уходят к более недавним временам. Мы же не принимаем наличие жаберных рудиментов в организме человеческого зародыша, что этот (будущий) младенец – ровесник кистеперым рыбам.

Так вот, предки балтийских N1c1 не могли «выйти» из Норвегии и Швеции по многим причинам. Я не буду здесь перечислять многие факторы, они перечислены, в частности, в моей статье на Переформате в феврале этого года «И опять «гаплогруппы, норманны и рюриковичи», и опять Клейн». Там описано, что почти все шведские гаплотипы группы N1c1 – славянского происхождения, меньшинство – финского происхождения, а «шведских» N1c1 – вообще нет. И откуда им взяться? С Северного полюса?

Дело в том, что миграции носителей гаплогруппы N1c1 шли с востока, поэтому все N1c1 в Швеции – вторичные, все импортные. Носители N1c1 прошли со стороны Урала, прошли (если рассматривать «шведское» направление) по обеим сторонам Балтийского моря, с северной стороны финны, с южной – балты, и в итоге, на излете, через века, достигли Швеции и Норвегии. Откуда вообще там могут быть «шведские» N1c1, да еще чтобы южные балты могли от них произойти? Это всё продолжение идеологического «норманнского» политического мифа. Смотрим на то, как шли миграции. Я не раз здесь упоминал, что численная доля гаплогруппы, выдернутая сама по себе – это плохой показатель, мало что можно на нем строить, но когда есть система по разным странам и популяциям – это другое дело. Так вот, смотрим, как шли миграции, по численности/содержанию гаплогруппы N1c1. Начинаем с волжско-уральского региона, включая пермскую и коми подгруппы. Удмурты – 67% N1c1, коми 57%, марийцы 61%, чувашаи – 28%, башкиры 17%. Далее идем к Прибалтике. Финны 62% (в провинции 77%), Латыши – 38%, литовцы – 42%, эстонцы 34%. Столько же у русских по направлению к Белому морю. К полякам волна начинает прогрессивно затухать, поляки – 4% N1c1. Ну и далее к западу – шведы 7%, норвежцы 2.5%. То, что у шведов больше – не удивительно, они веками владели Финляндией. Даже в среднем по России доля N1c1 составляет 14%, вдвое больше, чем в Швеции.

Это – важный фактор. Мало у шведов и норвежцев N1c1, все предки пришлые. Говорить о том, что они породили N1c1 у балтов – несерьезно.

*Екатерина* говорит:

Да никто и не говорит, Анатолий Алексеевич. Благодаря вашим статьям все знают откуда пришла N1c1, и как она расселялась.

*Т. Моллаев* говорит:

Здравствуйте! Судя по географии расселения, получается только один вывод об этнической принадлежности “ариев” – что это тюрки. Кроме того, слово “кочевать” в русском языке тюркского происхождения, также как и слова “курган” и “лошадь”.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый комментатор, Ваша точка зрения известна уже не менее десяти лет, над Вами уже давно посмеиваются и на вашем этническом сайте. Вам я отвечал уже много раз, а Вы все никак не успокоитесь, и делаете вид, что забыли. Много раз я Вам давал совет дать определение понятия «этнос» в отношении ариев, и объяснить, почему арии принесли в Индию ИЕ язык, а не тюркский. И так далее, вопросов к Вам было много, и ни один Вы не отвечаете, а если пытаетесь отвечать, то

несерьезно. Вот и опять – ни обоснований (кроме туманного «география расселения», без датировок, без каких-либо аргументов). Слов тюркского происхождения в разных языках много, но это не значит, что все они тюрки. Вы сейчас по-русски пишете, но это не значит, что Вы славянин.

Короче, администратор меня уже известил, что собирается поставить на Вас фильтр. Я его поддержал. Не надо мусорить на Переформате, другие сайты Вы уже замусорили. Но чтобы Вы не сетовали, что «тюрков» в Вашем лице дискриминируют (Вы прекрасно знаете, что ко мне такой претензии быть не может), то предлагаю Вам представить последовательную и аргументированную статью в Вестник, если она будет действительно обоснованная и аргументированная, она будет напечатана. А пока – Мэа ас саляма. Или –

مَع السَّلَامَة !

*Т. Моллаев* говорит:

Согласен, уважаемый Анатолий Алексеевич, с Вашей постановкой вопроса. Если удастся написать такую статью, представлю на возможность публикации в Вестнике.

С искренним уважением, Тахир.

(Прим. редактора – с тех пор прошло 8 месяцев, статья не поступила).

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Я могу пояснить читателям, относительно новым в ДНК-генеалогии, и которые не застали дискуссии в отношении ариев и тюрков. Напомню, что арии – это носители гаплогруппы R1a на историческом отрезке времени от 5500 лет назад до примерно 2500 лет назад, и они говорили на арийских языках, которые по разным причинам потом стали называть «протоиндоевропейскими» и «индоевропейскими». По сути это одно и то же, хотя есть нюансы, но это уже детали, интересные только лингвистам. Их можно классифицировать и дальше, и арийские языки, которые арии же принесли на Иранское плато, стали называть иранскими (не подозревая, что Персию потом переименуют в Иран, и возникнет путаница), а их носителей – «иранцами», хотя в Иране большинство их отродясь не были, а арийские языки, которые арии принесли в Индостан, стали называть «индо-арийскими», а их носителей, в том числе и тех кто до Индии далеко и не дошел, стали называть «индоариями». В итоге древних жителей Южного Урала (включая и Аркаима, название современное) называют то «индоариями», то «иранцами», хотя они к Индии и Ирану имеют такое же отношение, как древние англосаксы к Новой Зеландии. Короче, арии, которые

вышли из Европы, и никакими тюрками, конечно, не были, принесли индоевропейские языки в Индию, в Иран, в Малую Азию (хетты) и в Сирию (митаннийские арии), примерно 3500 лет назад.

Но была еще одна ветвь ариев, которые прошли за Урал до Алтая, и стали там скифами, если придерживаться общепринятой классификации. Они основали там археологические «культуры скифского круга», и после жизни там, фактически в изоляции от своего древнего ИЕ языка, в течение как минимум тысячи лет, и живя в окружении носителей тюркского языка, многие перешли на тюркский язык. Поскольку скифских племен там было определено много, то кто-то сохранил ИЕ языки, кто-то перешел на тюркские, кто-то сохранил европеоидность, кто-то приобрел монголоидность от местных матерей, бабушек и прабабушек. Вообще, тот, кто меряет на один аршин, и объявляет, что скифы были все «индоевропейцы» (по языку), или, напротив, «тюрки» (по языку), от науки бесконечно далек. Или намеренно преследует некие политические цели, что, впрочем, тоже выводит его из науки. Политические цели иногда тоже оправданы, но они должны надстраиваться на строгих выводах науки.

Когда скифы стали кочевать по огромной территории от Алтая до Балкан, и в немалой степени в Предкавказье, они принесли с востока и тюркские языки, и индоевропейские, и свой европеоидный облик, и монголоидный, и гаплогруппы R1a, R1b, G2a, C, Q и другие. Как правило, датировки общих предков в этих мужских популяциях относительно недавние, обычно I тыс. нашей эры. Это позволяет в некотором приближении сразу понять, что это потомки скифов. Например, в гаплогруппе R1a, когда общие предки давностью 4600 лет назад (русские, индийцы, иранцы, таджики) – это арии, а когда 1300 лет назад (киргизы, пуштуны, карачаевцы, башкиры) – это скифы. Карачаево-балкарцы, например, говорят на тюркских языках, общие предки гаплогруппы R1a в I тыс. н.э., значит, это от скифов (аланов), и язык, и гаплогруппа R1a. У них же гаплогруппа R1b – тоже с общим предком в I тыс. нашей эры, тоже тюркский язык, и субклад R1b-M73, сибирский, скифы принесли.

Поэтому утверждать, что тюркские языки от ариев – это просто не представлять себе историю древних миграций. Тюркские языки – из алтайского региона, или, более широко, из Южной Сибири, принесенные скифами. Тем более, что те тюркские языки, которые сейчас практикуются от Южной Сибири через Среднюю Азию и Поволжье и до Турции – это по классификации лингвистов языки молодые, сформировались в I тыс. нашей эры, так что здесь тоже сходится. Индоевропейские языки – значительно более древние, чем эти молодые ветви тюркских языков, уходят на глубины 9-10 тысяч лет назад.

Естественно, возникает вопрос – а откуда тюркские языки взялись на Алтае (или шире – в Центральной Азии)? Понятно, что они не возникли 1500-2000 лет сами по себе, у них есть свои предки. Правда, лингвисты их почти не изучают, разве что древние каменописные памятники, и то не в рамках академической тюркологии. На самом деле у тюркских языков есть своя великая история, которая лингвистами игнорируется по простой причине – ограниченность мышления, знаний, подходов. Посмотрите на тюрколога А. Дыбо – и поймете. В планах нет – значит, и изучать нечего. А в планах нет – потому что никому из них это не нужно. История тюркских языков уходит в глубь времен на десятки тысяч лет, возможно это они, в своей динамике, и были среди первых евразийских языков. На прототюркских языках говорили носители гаплогруппы R, которая образовалась примерно 45 тысяч лет назад, и разошлась на гаплогруппы Q и R, и первые унесли эти прототюркские языки в Америку, вторые, уже в виде гаплогруппы R1b – через всю Евразию, через Кавказ в Месопотамию, и далее по Северной Африке до Пиренеев и в континентальную Европу. Эти прото-тюркские языки С. Старостин назвал «дене-кавказскими», от термина на-дене, группы индейских языков Северной Америки (куда они попали с гаплогруппой Q), и тем самым показал их связку с Кавказом, куда те же языки в своем развитии принесли эрбины, носители гаплогруппы R1b. Те же языки, в своем развитии, составляли неИЕ языки древней Европы, которые от современных молодых тюркских, конечно, ушли уже очень далеко, и которые до сих пор составляют мощный «доИЕ субстрат» в европейских языках, в частности, в германских. Так что не нужно ариев притягивать к тюркам, ничего из этого не получится. Это – не уважать древнюю историю тюркских языков.

Александр Л. говорит:

*>> Только что вышла интереснейшая статья, в которой показано, что филистимляне, «люди моря», вышедшие из Малой Азии (со стороны Эгейского моря, и фактически со стороны Трои) в конце II тыс. до н.э., были протославянским племенем, и пользовались уже утраченным протославянским языком.*

Знаменательно, что автор работы [«Лексический комплекс пеласгического вида в праславянском»](#) Александр Шапошников (кстати ученик академика О.Н. Трубачёва) в своих исследованиях использует при необходимости также «инструментарий» от ДНК-генеалогии.

*>> паре профессиональных этрусковедов, кандидатам филологических наук...*

А стоит ли им доверять? Когда знаковый доклад С.А. Старостина и В.Э. Орла до сих пор не переведён на русский язык? Лично мне в публичном

информационном пространстве не встречался. А я (поверьте мне) всё отслеживаю максимально скрупулёзно.

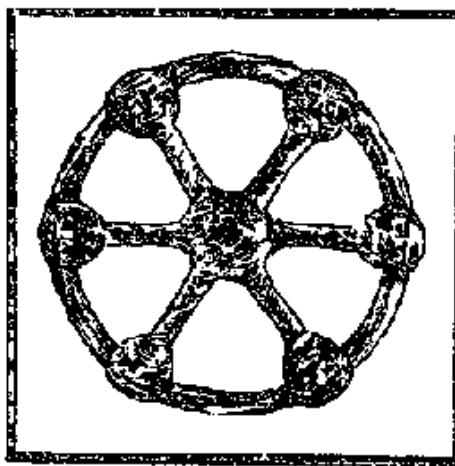
**СЕВЕРО-ОСЕТИНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ ОБЪЕДИНЕННЫЙ МУЗЕЙ  
ИСТОРИИ, АРХИТЕКТУРЫ И ЛИТЕРАТУРЫ**

**СЕВЕРО-ОСЕТИНСКИЙ ГОСУНИВЕРСИТЕТ ИМ. К. Л. ХЕТАГУРОВА**

**СЕВЕРО-ОСЕТИНСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ  
ИСТОРИИ, ФИЛОЛОГИИ И ЭКОНОМИКИ ПРИ СОВЕТЕ МИНИСТРОВ  
СО АССР**

# Кавказ и цивилизации Древнего Востока

(Материалы всесоюзной научной конференции)



ИЗДАТЕЛЬСТВО «ИР» • ОРДЖОНИКИДЗЕ • 1989



**О ПРИНАДЛЕЖНОСТИ ЭТРУССКОГО ЯЗЫКА К  
ВОСТОЧНОБАВКАЗСКОЙ ЯЗЫКОВОЙ СЕМЬЕ**

Принадлежность этрусского языка к восточнокавказской языковой семье доказывается на основании около 50 этимологий этрусских слов, значения которых надежно определены неэтимологическими методами. При этом среди этрусских слов восточнокавказского происхождения имеются элементы базисной лексики (такие, как числительные первого десятка, имена родства, глаголы, связанные со сферой дарения и обмена, названия животных).

На базе названных этимологий устанавливается система закономерных соответствий (в области консонантизма) между этрус-

105

ским и правосточнокавказским (в реконструкции С. А. Старостина и С. Л. Николаева). Как историческая фонетика этрусского языка, так и предлагаемые этимологии обнаруживают существенные черты сходства с фонетикой и лексическим составом другой древней ветви восточнокавказской семьи — хуррито-урартской.

Материал, приводимый в докладе, по-видимому, позволяет рассматривать этрусский язык с генетической точки зрения как члена восточнокавказской языковой семьи.

---

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Дело не в доверии. Дело в аргументации. Бывает, что у автора одни аргументы, а у рецензентов другие, которые автор не знал, или не хотел рассматривать. Редактор сопоставляет, и выносит вердикт в пользу или автора, или рецензентов. Что же касается показанного фрагмента статьи Орла и Старостина — там подобная ситуация: авторы считают, что язык этрусов относится к восточно-кавказским языкам, а множество исследователей считают этрусские языки как имеющие отношение к ранним славянским. Причем первые обычно не упоминают вторых, как будто их и нет, а вторые — первых. Аргументы есть у той и другой

стороны. Повторяю Ваш вопрос – а стоит ли им доверять, тем и другим, если они не упоминают аргументацию друг друга? Продвинутой научной работой – не та, которая опять и опять повторяет свою систему аргументации, или выдвигает новые аргументы, игнорируя все остальные, а та, которая объективно рассматривает аргументы разных сторон, учитывает их, и поднимается выше тех и других, давая свое совокупное решение. Такие – большая редкость в академической науке. Но именно такие приветствуются в Вестнике.

*Илья Рыльчиков* говорит:

У меня есть ещё вопросы, если не возражаете. Они касаются константы скорости мутации. В Вашей книге «Ваша ДНК-Генеалогия. Узнай свой род» на странице 131 идёт сравнение результата анализа ископаемых останков из Элау (Германия) и этнических русских. Я так понимаю, что для маркеров 393, 390, 19, 391, 385а, 385б, 439, 389-1, 389-2, 458, 437, 448, 464 а или б (я этого не знаю, возможно даже и не 464), 456 (если не ошибаюсь), 438 и 635 константа скорости мутации  $k=0,361$ . Мой 18-маркерный анализ не делался для маркеров DYS 458 и того, который между 448 и 456, я предположил, что это 464 а или б. Анатолий Алексеевич, подскажите пожалуйста, какой будет константа для оставшихся 14-ти маркеров? И аналогичный вопрос для следующего перечня маркеров: 393, 390, 19, 391, 385а, 385б, 439, 389-1, 392, 389-2, 447, 437, 448, 449, 456, 576 и 438. Как Вы понимаете, я пытаюсь по приведённой Вами формуле в Вашей вышеуказанной книге на странице 14, посчитать расстояние до общего предка. Во втором случае сравниваю 18-маркерный гаплотип с 67-маркерным. Но в последнем не анализируется, как я понял, DYS 635. То есть сравнивать можно только 17 маркеров. В обоих случаях оценить погрешность измерения я тоже не могу. Это тоже важный вопрос. И ещё один вопросик, в случае если идёт сравнение с другой веткой, если на столь малом количестве маркеров имеется 5 или 6 мутаций, в таком случае Вы неоднократно писали, например, там где Рюриковичи обсуждаются, что простая формула  $n/N=kt$ , уже не работает, или работает не корректно. В данном случае, Анатолий Алексеевич, как можно посчитать, когда произошло расхождение. Очень хотелось бы на эту тему почитать что-нибудь, какой-нибудь детальный разбор. Мне кажется, подобные вопросы уже где-то обсуждались, но я не нашёл такого обсуждения, поэтому решил попросить Вас помочь разобраться.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый Илья, ответы на практически все Ваши вопросы даны в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (2016), там ответы на вопросы специально пронумерованы, чтобы было легче найти ответы. Кое-что я сейчас продублирую. Суммарная константа скорости для 17-маркерных гаплотипов равна 0.0365 мутаций на условное поколение (25 лет), но по

ссылке (стр. 131) гаплотипы 16-маркерные, так определили древние гаплотипы, и константа скорости мутации для них равна 0.0361. Вы сделали опечатку, и дали неверную величину. Константы скоростей мутаций для всех 111 маркеров приведены в только что опубликованной [статье в журнале Advances in Anthropology](#).

Константу скорости мутации для 18-маркерных гаплотипов можно получить простым суммированием констант скоростей для всех 18 маркеров, это DYS393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 439, 389-1, 392, 389-2, 447, 437, 448, 449, 456, 576, 438, 635. Она равна 0.0446 мутаций на 25 лет.

5-6 мутаций между двумя 18-маркерными гаплотипами – это нормально. А нормально – потому что в этом случае число мутаций в среднем на маркер равно  $5/2/18 = 0.139$  и  $6/2/18 = 0.167$ . Ненормально, когда это отношение достигает 0.5-0.6, или даже 1.0. Это – при 18 мутаций между двумя гаплотипами и выше, там даже поправки на возвратные мутации помогают плохо, надо переходить на «медленные» маркеры, например, для данной панели гаплотипов DYS393, 389-1, 392, 437, 438, и считать всего по пяти маркерам. Суммарная константа скорости мутации для них равна 0.0028. Конечно, для пяти маркеров погрешность расчетов будет значительно выше, но общее представление расчет даст.

При использовании 18-маркерных гаплотипов расстояние между ними переводится в годы по следующей таблице (без приведения погрешностей):

1 мутация	550	лет
2 –	1150	лет
3 –	1750	лет
4 –	2375	лет
5 –	3000	лет
6 –	3675	лет
7 –	4350	лет
8 –	5025	лет
9 –	5775	лет
10 –	6500	лет
11 –	7275	лет
12 –	8050	лет
13 –	8850	лет
14 –	9725	лет
15 –	10575	лет

Делить это расстояние на два, чтобы получить время жизни общего предка для двух данных гаплотипов, можно только тогда, когда есть свидетельства, что эти два гаплотипа принадлежат одному субкладу, или, если субклады разные, то ни один из них не должен быть древнее,

чем получаемое время жизни общего предка. Пример – сравниваем два гаплогруппа, один из гаплогруппы J1, другой – J2, и между их 18-маркерными гаплогруппами 10 мутаций. Тогда их «фантомный» предок якобы жил 3250 лет назад (см. таблицу выше). Но это – нонсенс, так как обе гаплогруппы (технически – субклада) имеют возраст примерно 32 тысячи лет. Иначе говоря, их общий предок никак не может быть «моложе» 32 тысяч лет, из какого бы нижестоящего субклада в своих гаплогруппах они ни были бы. Естественно, ни в какой литературе по популяционной генетике Вы это не прочитаете, и популяционной генетике о таких расчетах понятия не имеют. Потому что это ДНК-генеалогия, другая дисциплина.

*Илья Рыльчиков* говорит:

Спасибо большое, Анатолий Алексеевич, за развернутый ответ. Он уже для меня многое прояснил. Книга “Кому мешает ДНК-генеалогия” у меня имеется. Я же помню, что где-то мой вопрос подробно разбирается! Сейчас буду изучать.

*Вячеслав* говорит:

>> Мой 18-маркерный анализ не делался для маркеров DYS 458 и того, который между 448 и 456, я предположил, что это 464 а или б. Анатолий Алексеевич, подскажите пожалуйста, какой будет константа для оставшихся 14-ти маркеров?

Илья, мне кажется самый простой путь для определения констант скоростей мутаций для произвольного количества маркеров – использование [калькулятора Килина-Клёсова](#). Для этого достаточно выделить ячейки со скоростями мутаций соответствующих маркеров ( $P = 1/k$  (mutation rate constant)), в нижней строке высветится сумма выделенных ячеек – константа скорости мутаций N-маркерного гаплогруппа. Затраты по времени – несколько секунд...

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> ...в нижней строке высветится сумма выделенных ячеек – константа скорости мутаций N-маркерного гаплогруппа. Затраты по времени – несколько секунд...

Совершенно верно. Нажмите ctrl и, держа эту клавишу, кликните подряд на значения констант скоростей всех нужных маркеров. Далее – как описано выше.

*Рыльчиков Илья* говорит:

Спасибо большое, Вячеслав! Понял.

Линьков А.И. говорит:

Анатолий Алексеевич, к какой гаплогруппе могли принадлежать даки?

Анатолий А. Клёсов говорит:

Как обычно в подобной ситуации, задам встречный вопрос: Вам это нужно знать для решения конкретной задачи, и если да, то какой? Или потому что «просто любопытно»? Если последнее, и после получения ответа ничего не последует, кроме удовлетворения личного любопытства, то стоит подумать, может, стоит сначала самому приложить усилия для поиска ответа на вопрос, а потом мы все вместе обсудим, насколько ответ знать интересно и полезно. Замечу, что у меня есть варианты ответов на данный вопрос, и довольно глубокие. Но стоит ли их здесь излагать, и загружать редактора сайта работой, если это просто частный вопрос для удовлетворения частного любопытства, и больше никого это особенно не интересует? Если же интересует и других, и есть причины, почему интересует, то обсудим.

Леонид говорит:

Есть такая книга Городцова В.А. “Дако-сарматские религиозные элементы в русском народном творчестве” (Труды ГИМ. Вып. I; 1926). Там показаны явные параллели в изобразительном культурном наследии даков и славян. Если же обнаружится, что превалирующая(-ие) гаплогруппа(-ы) у даков та же (те же), что и у славян (например, R1a1), то тогда понятно будет, что такое совпадение не случайно.

Анатолий А. Клёсов говорит:

>> ...показаны явные параллели в изобразительном культурном наследии даков и славян. Если же обнаружится, что превалирующая(-ие) гаплогруппа(-ы) у даков та же (те же), что и у славян (например, R1a1), то тогда понятно будет, что такое совпадение не случайно.

Да, с этим можно согласиться. Вероятность того, что у даков окажется преимущественно гаплогруппа R1a, очень велика. К этому подводит история даков, которые были частью фракийских племен (кстати, Спартак был фракийцем), и жили от западного побережья Черного моря до Дуная, с Карпатскими горами, пересекающими их территорию. Письменные сообщения о них известны уже с середины I тыс. до н.э., и даки (какое название у них ни было) существовали как минимум с начала I тыс. до н.э. Именно в Иллирию и Фракию Атенор привез венетов, защитников Трои, после того, как Троя пала. Это скорее всего были носители гаплогруппы R1a, более того, на Адриатике в основном носители карпатских ветвей гаплогруппы R1a.

Поэтому мое предсказание – даки имели в основном гаплогруппу R1a, определенно субклад R1a-Z280, и, возможно, R1a-M458. Те, кто предполагают, что у даков была гаплогруппа I2a, не знают, видимо, что гаплогруппа I2a возродилась (после прохождения бутылочного горлышка популяции) только в конце I тыс. до н.э. Иначе говоря, во времена даков в I тыс. до н.э. в Восточной Европе ее практически не было.

*Liddy Groth* говорит:

Уважаемый Леонид! Мне хотелось бы сделать небольшое дополнение к Вашему комментарию, поскольку [я привлекала работу Городцова в моих исследованиях](#). Даже из самого названия книги Городцова В.А. видно, что речь в ней идет не просто об изобразительном культурном наследии, а об изображениях сакрального значения – иконографии северорусского шитья с образом древнерусской матери всего сущего и дакской литой иконографии, где центральное место тоже занимает великая богиня или царица небесная. И именно поэтому совпадения в них интересны, поскольку свидетельствуют об общности религиозных представлений у населения севера Русской Равнины и у населения на территориях древней Дакии и Паннонии.

По убеждению Городцова, дакские образки послужили источником для развития северорусской вышитой иконографии, поскольку в его время утвердилось представление о том, что славяне пришли в Восточную Европу из Подунавья. А на деле, как сейчас становится ясно, происходило наоборот. По неоднократным разъяснениям А.А. Клёсова и И.Л. Рожанского, наиболее выраженная и разнообразная у славян – в отношении ветвей гаплогруппы – гаплогруппа R1a, и все её ветви (за редким исключением) начинаются (или продолжают) на Русской равнине, с общим предком примерно 4900 лет назад, но расходятся по ветвям, общие предки которых жили, начиная с второй половины II тыс. до н.э. и на протяжении I тыс. до н.э. В Европе были идентифицированы 38 ветвей гаплогруппы R1a, и немалое число её ветвей тяготеют к Карпатам и Подунавью, [ссылка](#). Поэтому Подунавье не являлось прародиной славян, тем более что «прародина славян» понятие вообще крайне упрощенное, славяне – составное образование, как минимум из гаплогрупп R1a, I2a, N1c1, и у каждой была своя история и своя «прародина», опять в крайне упрощенном варианте. Подунавье было теми землями, куда славяне гаплогруппы R1a в ходе различных миграций переселялись с Русской равнины (как об этом и говорится, например, в «Сказании о Словене и Русе») и куда переносили свои религиозные представления. Но в Подунавье, по-видимому, пошла в рост гаплогруппа I2a, которая влилась в славянское содружество, а за ней (или одновременно с ней) на севере, в Прибалтике, в содружество славян

влились и носители гаплогруппы N1c1, будущие литовцы и латыши, и родственные этносы. Литая иконография была также известна древним русам на севере Восточной Европы. Примером ее являются литые бляшки ПЗС, на которых изображались божества в зооморфных и антропоморфных личинах, [см. здесь](#).

И теперь непосредственно к Вашему вопросу. А.А. Клёсов подчеркнул в своих ответах, что пока мы не знаем, какая гаплогруппа доминировала у древних фракийцев или даков, хотя на основании многих данных уже можно склониться к тому, что это была гаплогруппа R1a. Более того, анализ северорусской вышитой иконографии показывает, что переселения древних русов в Подунавье имели место, и соответственно, различные ветви гаплогруппы R1a должны там быть. Но я хочу напомнить, что конфессиональные общности никогда не были этнически однородны, поэтому на территориях даков и фракийцев будут, наверняка, найдены и другие гаплогруппы/субклады. Но важно иметь в виду, что согласно сходству северо-русской и дакской иконографии, носители гаплогруппы R1a выступали в Дакии донорами религиозно-культурной традиции.

*Нави* говорит:

Вопрос с гаплогруппой/гаплогруппами у даков действительно интересный, поскольку уже упомянутому Василию Городцову принадлежат такие слова: “Даки – сильный, но мало известный народ. Их считают родственниками гетам, а гетов – фракийцами; не раз, однако, высказывалось мнение, по которому они были славянами.” Безусловно, любой может ошибаться, и Городцов здесь может не быть исключением. Однако вопрос родовой принадлежности даков тем ещё интересен, что в той же энциклопедии, писанной дилетантами для дилетантов (а значит, и весьма востребованной нашим русскоязычным обществом в массе своей) содержащиеся там сведения дают основания предполагать, если не утверждать, вот так вот сходу, что даки = геты => гето-даки (и далее) = фракийцы. Более того, существует, вероятно, непосредственная связь и с дахами (дахи-даки?), которые, как минимум, соседи саков, а то и вовсе общее название союза трех кочевых племён саков/массагетов. Страбон называет страну, населённую дахами «Скифской Дахой», что снова, наряду с саками и массагетами, приводит нас к скифам. А Вы, Анатолий Алексеевич, убедительно показали и доказали всем читателям, как минимум, Переформата, что “славяне и скифы – потомки одних и тех же общих предков, ариев, носителей гаплогруппы R1a”, т.е. “арии, скифы и восточные славяне – это одни и те же люди, в своей естественной хронологической динамике”.

Помимо этого, т.н. дакский и фракийский языки, будучи “мёртвыми”, например, согласно гипотезе Л.А. Гиндина и В.П. Нерознака – палеобалканские индоевропейские языки, к которым также относился

реконструируемый ими «пеласгский» субстрат балканской лексики. Регионом проживания/расселения даков, гетов и фракийцев была достаточно обширная территория от Балкан на юге до северо-западного Причерноморья (Тирас-Днестр) на севере и Малой Азии (Анатолии) на востоке. То есть та территория, которая включает в себя сразу от 2 до 4 предположительных “(пра)родин” и славян, и ИЕ языков: Балканы, Подунавье с прилегающими к ним Анатолией и Северным Причерноморьем.

Данную лингво-историческую солянку можно дополнить сообщениями: а) Ксенофана, который описывает фракийцев внешне отличных от греков вследствие светлых волос и голубых глаз: “Черными мыслят богов и курносыми все эфиопы, Голубоокими их же и русыми мыслят фракийцы...”; б) Иосифа Флавия, который утверждал, что родоначальником фракийцев был седьмой сын Иафета, Тирас. Он также утверждал, что изначально фракийцы назывались тирасийцами, но потом греки переименовали их. А в ПВЛ, например, есть такие строчки: “Афетови же сынове западь приаща и полунощныя страны. От сихъ же 70 и дву языку бысть языкъ словенескъ, от племени же Афетова, нарѣцаеми норци, иже суть словен...Афетово же колѣно и то: варязи, свеи, урмане, готѣ, русь, аглянѣ, галичанѣ, волохове, римлянѣ, нѣмци, корлязи, венецици, фряговѣ и прочии...” То есть Иафет был через своих сыновей родоначальником, общим (перво)предком и словен/славян, и русов, и фракийцев (“фраци”); в) из той же энциклопедии дилетантов для дилетантов: “Так, Иордан считал готов продолжателями истории гетов. Такой взгляд не имеет под собой иных оснований, кроме простого созвучия, и объясняется стремлением удревнить историю своего народа, поскольку по античным понятиям народ, не обладающий многовековым прошлым, не мог рассчитывать на уважение”. А теперь сам Иордан: “Склавены живут от города Новиегуна и озера, именуемого Мурсианским, до Данастра, и на север — до Висклы; вместо городов у них болота и леса. Анты же — сильнейшие из обоих — распространяются от Данастра до Данапра, там, где Понтийское море образует излучину; эти реки удалены одна от другой на расстояние многих переходов”. И снова Тирас-Данастр-Днестр.

Таким образом, для всех тех, кто интересуется как любитель и/или занимается профессионально историей (в общем) и этногенезом и взаимосвязью/соотношением вышеуказанных племён, племенных союзов, этносов и народов (в частности), свежий взгляд со стороны новой, молодой и такой перспективной научной дисциплины – ДНК-генеалогии

– может оказаться чрезвычайно важным в понимании исторической картины, по меньшей мере, Европы (а если вспомнить и увязать с парнами/парфянами, то и Азии) на протяжении не менее 2 тысяч лет (I



тыс. до н.э. – I тыс. н.э.) и решающим в отношении определения возможного и предполагаемого родства и родственных в связи с этим связей следующих экзо- и этнонимов: анты, валахи, геты, готы, даки, дахи, массагеты, парны, парфяне, русы, саки, скифы, склав(е,и)ны, славяне, фракийцы.

P.S. По мнению белорусского историка Носевича у фракийцев вероятно была распространена гаплогруппа I2a – [ссылка](#). В своей статье Носевич ссылается в т.ч. на Андерхилла сотоварищи.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый Нави, спасибо за Ваше информативное и насыщенное сообщение. Показательно, что Вы затронули и «палеобалканские индоевропейские языки», на которых (можно полагать) разговаривали носители гаплогруппы R1a до образования арийского (по определению и по лингвистическим соображениям) субклада R1a-Z645, и, возможно, носители археологической культуры Лепенский Вир. На последнее указывает и то, что в той культуре положения костяка было характерно для носителей гаплогруппы R1a. Если к этим языкам относились и язык пеласгов, то это еще одно свидетельство о том, что пеласги были носителями R1a, во всяком случае в значительной степени. Пеласгов неоднократно декларировали (именно так) носителями гаплогруппы J2, но свидетельства там более чем слабые.

*>> По мнению белорусского историка Носевича у фракийцев вероятно была распространена гаплогруппа I2a... В своей статье Носевич ссылается в т.ч. на Андерхилла сотоварищи.*

С этим «мнением» – обычное недоразумение, столь распространенное у популяристов, а Носевич руководствовался именно их «писаниями». Мнение таково: где сейчас гаплогруппы больше – там она и образовалась. По такому «мнению», гаплогруппа R1b должна была образоваться в Ирландии, а не в южной Сибири. Здесь надо сделать важное примечание: мы не знаем, какая гаплогруппа доминировала у древних фракийцев или даков. Наука вообще многого не знает. Но нельзя незнание подменять «мнением», и дальше декларировать это «мнение» как знание. А это – бич историков и лингвистов, их драма, трагедия, а порой и фарс.

В науке давно выработан простой и эффективный принцип – надо разложить факты, наблюдения и «мнения», и разбирать каждый из них с самого начала – что легло в основу каждого; факты ли это, или тоже «мнения»; и раскладывать это по кучкам – что оснований не имеет, что имеет, но слабые, что более надежно, что менее надежно. То есть проводить оптимизацию данных, фактов, наблюдений, выбирая наиболее непротиворечивую комбинацию. Факторы в пользу того, что у

даков и фракийцев доминировала гаплогруппа R1a, я уже описал выше. А в пользу того, что это была I2a – есть единственное наблюдение – что у сегодняшних жителей Балкан ее много. Это – фактор крайне низкого ранга. Тем более что он тут же падает под напором хронологии – гаплогруппа I2a появилась после долгого небытия (бутылочное горлышко популяции) только к концу I тыс до н.э. Фракийцы и даки описаны значительно ранее этого. Носевич, конечно, этого не знал. Ссылка на Андерхилла тоже не работает, Андерхилл фракийцев не изучал, и все, что он мог сообщить, это то, что **сейчас** гаплогруппы I2a там много. Как, впрочем, и гаплогруппы R1a. Это, конечно, не аргумент. Так что пока аргумент в пользу R1a у даков и фракийцев преобладает. Появятся новые данные – включим в описанную оптимизацию.

*Нави* говорит:

Большое спасибо за то, что нашли время на ответ, Анатолий Алексеевич! Да, полностью с Вами согласен. В своих статьях на Переформате, читателем которого я являюсь, Вы многократно демонстрировали полную несостоятельность популяционной генетики в изучении современных популяций в пространстве и времени. Помимо отсутствия научной школы и необходимого профессионализма, как это ни печально, и широты знаний в смежных дисциплинах, налицо отсутствие собственного независимого от “консенсуса” взгляда и элементарной смелости отстаивания своей точки зрения/позиции (которой, видимо, просто нет).

Таким образом, вместо прогрессивного развития, движения науки вперед в верном направлении, происходит, во многом, обратный процесс “затягивания в трясины” вплоть до полной деградации критической мыслительной деятельности в среде гуманитарных и естественных наук, что особенно заметно и в нашей стране. Как результат, ведущие мировые научные журналы к сегодняшнему дню уже изрядно дискредитированы, о чём не стесняется писать, к примеру, The Guardian. Показателен здесь и приведённый Вами в своей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» пример с высказыванием Берта Вэлли про методологию или технологию получения “Нобелевской, как и многих других премий”. Этому есть и было дано объяснение (в т.ч. в рамках маргинальной концепции т.н. «высшей социологии»), но оно не политкорректно и не толерантно, потому выходит за рамки обсуждения статьи).

Спасибо Вам, Анатолий Алексеевич, за Вашу подвижническую и, вместе с тем, отважную, но крайне полезную, нужную деятельность! Успехов Вам, неиссякаемого запаса энергии и, конечно, здоровья. Ваше дело правое, враг будет разбит, победа будет за Вами!

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый Нави, спасибо за Ваш теплый комментарий. Такие получать всегда приятно, и дело вовсе не в моих личных ощущениях. Я уже 39 лет как профессор, и стал им, как знают те, кто читал книгу «Интернет», в 30 лет. Легко догадаться, что теплых комментариев за это время я получал более чем достаточно. Но намного более приятно, когда видишь зрелый комментарий о направлении науки, на которое положил силы и время. Понимаю, что «в наше время и трава была зеленее, и жены вернее, и молодежь уважала старших», как гласила надпись на камне, выбитая 5000 лет назад. Но в самом деле, такого нахрапистого невежества, такой агрессии, такого негатива в таком масштабе во времена начала (и продолжения) моего профессорства не было. Можно с негодованием вспоминать о том, что «все контролировалось», но отчасти потому и не было. Точнее, порой было, но опять же было под контролем, дозированно, в определенных рамках. Такой вакханалии лжи, агрессии, беспардонности, которую демонстрирует, например, Боринская, которая в последнее время уполномочила сама себя на «борьбу с лженаукой» (то есть с тем, чего в науке нет), ранее было только с одобрения ЦК КПСС, да и то вскоре заканчивалось жестким наказанием «борца». В этом отношении Боринская пошла по пути Т.Д. Лысенко, надеюсь, этим и закончит. В этом и ирония – то, как шельмовали тогда генетику, Боринская теперь воспроизводит, выставя себя генетиком. Круг замкнулся. Невежество Боринской привело к фарсу.

Это заслуживает отдельной статьи, и такая скоро будет на Переформате. Суть ее – в высмеивании Боринской и ее поделщиков, но не просто высмеивании, а научном анализе того, с чем они подрядились воевать. На демонстрации лжи Боринской, ее некомпетентности, беспомощности в поисках «компромата», и вместо него опять ей выставяется ложь. Мало того, что в ее лице мы видим реинкарнацию Новодворской – и обликом, и поведением, но и того же Лысенко. Я все ожидал, что она выйдет на сцену в майке в надпись «Не дам русскому», но она так и не появилась, пряталась на краю сцены в темноте, и из темноты вещала. Объявила, что на нее не надо смотреть. В общем, опишу, как было.

*И. Рожанский* говорит:

*>> К сожалению, в статье (Underhill et al., 2015), несмотря на приведенные там почти четыреста гаплотипов, выборки относительно малые.*

Да и к тем имеются серьезные вопросы. Например, авторы умудрились не найти ни одного белоруса из субклада M458 на выборке в 57 гаплотипов. И это при том, что во всех других базах данных к нему относится примерно каждый четвертый из белорусских R1a. То, что опубликовано в итоговой таблице, не могло бы произойти, если бы первичные данные собирали и обрабатывали по всем правилам. Либо что-то не так померили или отсортировали, либо, как это нередко бывает у попгенетиков, это следствие неряшливости при

редактировании таблиц. Вывод: данные такого рода надо принимать с известной долей осторожности, поскольку невозможно предугадать, в каком месте случится “прокол”.

*Ivargen* говорит:

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Спасибо Вам за новое направление в гуманитарных науках о человеке, которое, тем не менее, можно можно отнести и к точным наукам. У меня возник вопрос, который прежде вроде бы не задавался. Если в каком-то гаплотипе рода произошла мутация и от нее образовался новый субклад, то можно установить срок его появления. При этом предковый гаплотип остается и сосуществует какое-то время параллельно с новыми субкладами. В нем продолжают происходить мутации с образованием новых субкладов. Так же и в новом субкладе происходят мутации, в том числе возвратные. И Вы учитываете эти возвратные мутации. А вот про дублирующие мутации в предковом же гаплотипе с образованием точно такого же, но более позднего субклада того же вида, что и возникший ранее, мне ничего не встречалось. Такие повторные мутации также следует как-то учитывать при оценке датировок и при построении родовых деревьев. На мой, чисто логический взгляд, такой механизм не исключается. Другой вопрос, насколько он вероятен и наблюдаем ли в реальности. А ведь от учета или неучета повторных мутаций зависит точность построения самих схем ветвления на древе рода. Заранее благодарю Вас за пояснения по этому вопросу.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> Если в каком-то гаплотипе рода произошла мутация и от нее образовался новый субклад, то можно установить срок его появления.*

Надо сказать, что Вы путаете гаплотипы с гаплогруппами и субкладами. И эта путаница далее разрастается. Если в гаплотипе произошла мутация (стир-мутация), то от нее никакой «новый субклад» не образуется. Мутации в гаплотипах обратимые, и гуляют вверх-вниз (в числах, называемых аллелями), никак не образуя новых субкладов. Субклады образуются в независимых процессах мутации в Y-хромосоме (в данном контексте), и те мутации (снип-мутации) имеют совершенно другую природу, чем мутации в гаплотипах (стир-мутации).

Но, допустим, Вы просто сделали опечатку, и имели в виду, что в Y-хромосоме произошла произошла очередная снип-мутация, и таким образом образовался новый субклад. Или допустили другую опечатку, и имели в виду, что в каком-то гаплотипе произошла мутация, и таким образом образовался другой гаплотип. Более того, далеко не всякая снип-мутация ведет к появлению нового субклада. Это примерно как сказать, что когда в каком-то бою одна сторона одерживает победу, то

это приводит к образованию нового государства. Это, конечно, далеко не обязательно. Так и в случае снип-мутаций – это далеко не всегда приводит к образованию нового субклада, для этого снип-мутации мало, надо, чтобы потомки с этой новой снип-мутацией выжили в больших количествах. А снип-мутации происходят у каждого мужчины в его Y-хрососоме в среднем раз в поколение, но к новым субкладам это, как правило, не приводит.

Как Вы видите, ошибка (или небрежность) в исходном вопросе делает затруднительным ответ, так как мы уже имеем много вариантов одного и того же вопроса. И дальше в Вашем вопросе эти ошибки продолжают повторяться и расходятся на другие варианты.

Передо мной, таким образом, в простейшем случае два варианта ответа. Первый – вернуть Вам вопрос обратно и предложить его переформулировать. Второй – попытаться догадаться (что непросто), что же Вы хотели спросить. Поскольку речь идет о возвратных мутациях, то это скорее всего не снип-мутации и не субклады, поскольку возвратных снип-мутаций не бывает, это – необратимые химические процессы, ломка нуклеотида, если угодно, и ему сломаться обратно затруднительно, разве что раз на миллиард событий, или даже реже.

Поэтому Вы, вероятно, пытаетесь рассмотреть ситуацию, когда в предковом гаплотипе произошла снип-мутация, образовался другой гаплотип, но предковый гаплотип остался у многих членов племени, и какое-то время, столетия или тысячелетия, эти гаплотипы сосуществуют у членов племени. А ходе этих столетий и тысячелетий новые субклады могут образоваться, а могут и не образоваться. К данному вопросу это уже не имеет отношения. В тех гаплотипах происходят дальнейшие (снип)-мутации, и в предковых, и в мутированных, и во всех время от времени происходят возвратные мутации. Таким образом мы имеем колеблющееся (так сказать) поле гаплотипов с их мутациями – прямыми и возвратными, и именно это и рассматривает ДНК-генеалогия. Это только на первый взгляд (причем взгляд новичка) там хаос, но это хаос упорядоченный, состоящий из совокупности упорядоченных событий, и все это решается методами ДНК-генеалогии. В этом поле находятся и «дублирующие мутации», которые Вы упомянули, и все остальные, которые только возможно. Более того, это поле формируется под воздействием констант скоростей мутаций, которые в каждом маркере свои, со своими значениями. Возвратные мутации никаких особых осложнений не вызывают, просто надо знать, как их учитывать.

Любой специалист в математической статистике скажет, что эти задачи довольно легко решаются. Вся суть – в исходных положениях и условиях, в константах скоростей мутаций, и прочих «материальных» величинах.

*Ivargen* говорит:

Уважаемый Анатолий Алексеевич, благодарю Вас за столь развернутый ответ. И да, я имел в виду STR-мутации, скорее всего... Однако Ваше разъяснение, действительно, несколько изменяет сложившееся у меня прежде, видимо, неверное представление о “взаимоотношениях” между гаплотипами и субкладами внутри гаплогруппы. Если я правильно понял Ваши пояснения, гаплотип образуется при обратимых STR-мутациях, никогда не приводящих к появлению нового субклада, тогда как субклад образуется лишь в результате необратимой SNP-мутации и то, если история благоприятствует его выживанию, размножению и распространению. Таким образом, “поле гаплотипов” оказывается обратимым полем, “кольшающимся” по законам кинетической химии, и именно оно является предметом ДНК-генеалогии. Но в таком случае у меня остается недопонимание, как же тогда методами ДНК-генеалогии датируются необратимые SNP-мутации, лежащие в основе классификации субкладов? И если я правильно понимаю, то гаплотипы играют роль классификатора лишь внутри субклада? Прошу Вас проявить снисходительность к моим дилетантским вопросам.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> Если я правильно понял Ваши пояснения, гаплотип образуется при обратимых STR-мутациях, никогда не приводящих к появлению нового субклада, тогда как субклад образуется лишь в результате необратимой SNP-мутации и то, если история благоприятствует его выживанию, размножению и распространению.*

Да, это Вы поняли совершенно правильно. Чтобы было более понятно тем, кто испытывает трудности с пониманием этого фундаментального положения ДНК-генеалогии, приведу еще один пример. С течением времени в сторону старости происходят разные процессы в организме человека, причем происходят параллельно. Например, появляются морщины на коже, ослабевают память. Но, заметьте, память ослабевает не потому, что появляются морщины на коже, это независимые процессы, но и те, и другие связаны с течением времени. Так и SNP и STR-мутации (снипы и стирпы). Первые – простые, «точечные» поломки в нуклеотидах Y-хромосомы, вторые – ажурные перестройки в числе повторов длинных блоков нуклеотидов Y-хромосомы. Первые происходят часто в единичных нуклеотидах, просто один нуклеотид ломается с образованием другого. Например, тимин ломается в цитозин. Вторые – координированная перестройка фрагментов нуклеотидов, порой включающих десятки и сотни нуклеотидов. Поэтому обычная «критика» ничего не понимающими людьми в сети – что, мол, не учитывается влияние радиации – вызывает только к ним соболезнование. Ну, не понимают они, что радиация не приведет к ажурной перестройке десятков и сотен нуклеотидов, а прокукарекать хочется. Есть такая страсть у ничего не понимающих. Выставить себя «критиком». Ай, моська, знать она сильна...

*>> Таким образом, “поле гаплотипов” оказывается обратимым полем, “колышущимся” по законам кинетической химии, и именно оно является предметом ДНК-генеалогии.*

Значит, все-таки до конца не поняли. Как предметом медицины являются как и морщины на коже, так и ослабление памяти, так и предметом ДНК-генеалогии являются и снипы, и стирывы в гаплотипах. Причем оба поля должны давать взаимно согласующиеся результаты. Если они не согласуются, то что-то не учитывается исследователем. Например, если общий предок этнических русских гаплогруппы I2a жил 2200 лет назад, то должны согласовываться оба подхода – расчет по снипам и по стирам. В чем это выражается? Взяли сто человек с гаплогруппой I2a, и посмотрели, какой у них общий снип. До него должно быть в среднем 15 снипов у всех этих ста человек, при пересчете на референсный фрагмент Y-хромосомы длиной в 8.47 миллионов нуклеотидов. Тогда имеем  $15 \times 144$  (года) = 2160 лет до общего предка. Посмотрели на их сто 23-маркерных гаплотипов, в них должно быть 539 мутаций от базового (предкового) гаплотипа. Тогда имеем  $539/100/0.06125 = 88$  условных поколений (по 25 лет), то есть  $88 \times 25 = 2200$  лет до общего предка. Как видите, расчеты проводятся совершенно независимо, как по морщинам на коже и по ослаблению памяти, а дали практически совпадающие результаты. Надо сказать, расчеты я здесь иллюстрировал в упрощенном виде, например, не делал поправок на возвратные мутации, не приводил расчетов погрешностей, дело не в этом. Была «концептуальная» иллюстрация.

*>> И если я правильно понимаю, то гаплотипы играют роль классификатора лишь внутри субклада?*

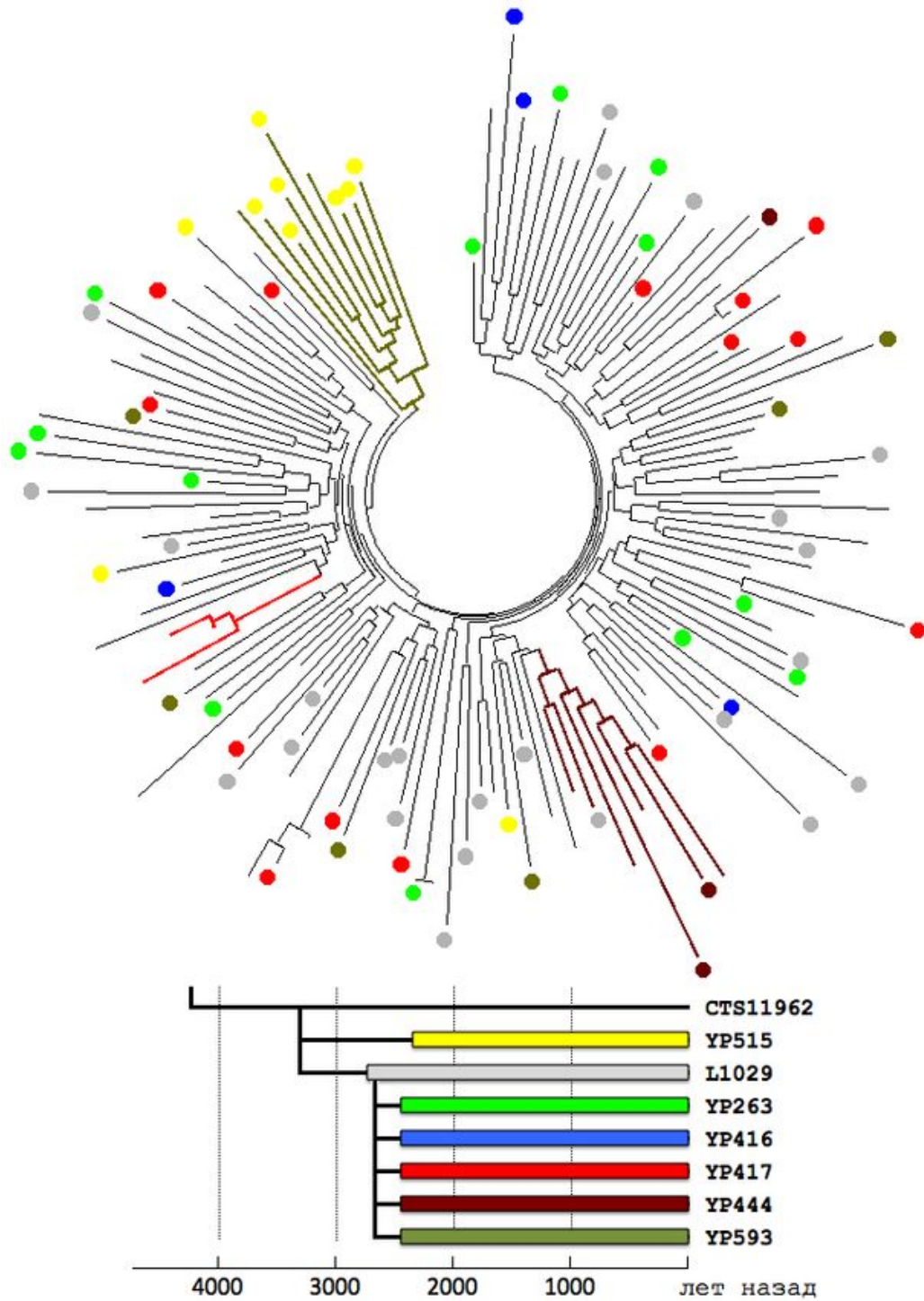
Нет, неверно понимаете. Морщины на коже не играют роль классификатора «лишь внутри» ослабления памяти, и наоборот. И то, и другое – разные явления, но оба отражают динамику развития процессов во времени. То же у стиров и снипов. Гаплотипы вообще не знают о субкладах, а субклады не знают о гаплотипах. Но мутации в тех и других развиваются в одном и том же направлении, и количественно приводят к одним и тем же величинам. Если считать правильно, и знать соответствующие константы скорости мутаций. Этим и занимается ДНК-генеалогия, и это крайне плохо знает популяционная генетика. Это – не их область, не их квалификация, не их задача.

*И. Рожанский говорит:*

*>> Первые – простые, «точечные» поломки в нуклеотидах Y-хромосомы, вторые – ажурные перестройки в числе повторов длинных блоков нуклеотидов Y-хромосомы.*

Показательный пример того, как мутации одного вида “не замечают”

другие - это центрально-европейская ветвь R1a-CTS11962. Ее ветви, выявленные по снипам, с трудом различимы даже в 111-маркерном формате, за исключением рано отошедшей YP515 (она же YP509). Это хорошо видно на схеме, где цветными кружками отмечены гаплотипы, принадлежащие по анализам на снипы к ветвям, обозначенным тем же цветом на врезке внизу.





Причина, очевидно, в том, что эта ветвь, охватывающая, по оценке, около 20 миллионов человек по всему миру, с самого своего зарождения показывает стабильный, без значительных разрывов и провалов, рост. В итоге имеем довольно аморфное облако гаплотипов, в котором довольно сложно, если вообще возможно, распознать дочерние ветви. То же самое можно сказать и про другие ветви-“тяжеловесы” с похожей демографической историей. Например, I2a-CTS10228, E1b-V13, R1b-U152, R1b-U106. R1a-L657, O2-M117, и т.п.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> Первые – простые, «точечные» поломки в нуклеотидах Y-хромосомы, вторые – ажурные перестройки в числе повторов длинных блоков нуклеотидов Y-хромосомы.*

*>> Показательный пример того, как мутации одного вида “не замечают” другие – это центрально-европейская ветвь R1a-CTS11962.Ее ветви, выявленные по снипам, с трудом различимы даже в 111-маркерном формате...*

Игорь Львович привел хороший и наглядный пример. Видно, насколько симметрично дерево гаплотипов, и насколько надежны датировки, получаемые с использованием таких деревьев. Я сейчас уйду несколько в иную сторону, и сопоставлю, насколько надежны и точны датировки этих же систем, но с использованием снип-мутаций, что приведены, в частности, на сайте компании YFull. Делаю я это не затем, чтобы впустую «критиковать», как это свойственно попгенетикам, но затем, чтобы показать действительный уровень надежности и точности метода расчета по снип-мутациям. Я высоко ценю работу, проводимую компанией YFull, и часто использую результаты их расчетов по датировкам в своих исследованиях. Но никогда не принимаю те расчеты как точные, всегда мысленно помещаю их в облако погрешностей, и исходя из поставленного вопроса решаю, позволяет ли то облако ответить на поставленный вопрос. Так вот, давайте еще раз взглянем на облако погрешностей в расчетах YFull, в данном конкретном случае субклада R1a-CTS11962 и нескольких нисходящих снипов.

Это важно еще и потому, что в литературе педалируется дезинформация, другого слова не подобрать, которую педалирует Балановский, что методы расчета по снипам якобы настолько точные, что они якобы вообще снимают полезность расчетов по мутациям в гаплотипах. Этому подпеваает и Боринская, которая в своем октябрьском (2016) докладе о «мифах в науке» походя объявила, что в ДНК-генеалогии есть «ошибки в методологии расчетов». Какие ошибки – она, конечно, не сказала. Спроси ее – конечно, не знает. Патологическая лгунья в своем амплуа.

Так вот, взглянем на базовые гаплотипы двух нисходящих (от CTS11962) субкладов YP509 и L1029, соответственно:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 - 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 13 15 15 - 10 11  
19 23 17 16 18 19 34 38 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13  
8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 - 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 13 15 15 - **11** 11  
19 23 17 16 18 19 **33 37** 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13  
8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13

Между ними всего три мутации (отмечено), так что, действительно, на дереве 67-маркерных гаплотипов их не разделить, поскольку вокруг каждого гаплотипа за прошедшие примерно три тысячи лет образовалось некое облако мутаций, и их гаплотипы на дереве пересекаются, накладываются друг на друга. Первый гаплотип имеет датировку (рассчитанную по этому облаку мутаций в гаплотипах)  $2750 \pm 320$  лет назад, второй –  $3070 \pm 290$  лет назад). Это было рассчитано по дереву R1a-M458, содержащему 668 гаплотипов. Как видно, первая датировка согласуется с диаграммой, представленной здесь Игорем Львовичем (нижняя серия субкладов), как в целом согласуется и вторая, в пределах погрешности расчетов. Надо пояснить, что расчеты мы с ним делали независимо друг от друга. Так вот, три мутации между двумя 67-маркерными гаплотипами – это  $3/0.12 = 25 \rightarrow 26$  условных поколений, или всего 650 лет разницы между ними. Тогда общий предок их вышестоящего субклада, CTS11962, жил примерно  $(2750+3070+650)/2 = 3235$  лет назад, как раз в датировке точки пересечения соответствующих линий на диаграмме.

Теперь посмотрим, что дает расчет по снипам, по данным компании YFull. Они привели число снип-мутаций до узла CTS11962 от настоящего времени, определив это число у 36 человек. У всех этих испытуемых число снип-мутаций до CTS11962 варьировалось между 25 и 51 (уже с приведением всех поправок и нормирования на фрагмент Y-хромосомы стандартного размера). Масштаб погрешности уже виден. Далее, рассчитали среднюю величину числа снип-мутаций, получили 34 (перекося от граничных величин заметен, с одной стороны 9 мутаций, с другой – 17). Величины погрешности на сайте не приведены. Авторы умножили полученную среднюю величину 34 на коэффициент 144 (число лет на снип-мутацию), получили 4896 лет, прибавили 60 лет (это по мысли авторов средний возраст тестируемых, типа универсальной константы), получили 4956 лет до времени образования снипа CTS11962. На самом деле у YFull получилось 4929 лет, на 27 лет меньше, потому что они считали с сотыми долями числа снипов, ну да ладно. Тут я уже сделать ничего не могу – когда люди считают среднюю величину множества чисел в диапазоне от 25 до 51, и эту среднюю величину

считают с точностью до сотых долей, этому уже никто помочь не сможет. Короче, в итоге на главную часть сайта выставили датировку образования снипа CTS11962, равную  $4500 \pm 800$  лет назад. Как произошел переход от 4929 лет (расчет YFull) в 4500 лет (показано YFull), я не знаю.

Там есть еще один «гитик», рядом, на том же уровне «CTS11962, образовано 4500 лет назад», стоит TMRCA = 3200 лет назад. На самом деле этот TMRCA к CTS11962 отношения не имеет, и ошибаются те, кто думают, что это «время до наиболее недавнего общего предка» CTS11962. Нет, это число относится ко времени образования нижестоящего снипа YP515. Почему это держится как «время до наиболее недавнего общего предка CTS11962», когда YP515, напротив, ближайший потомок, потому он и моложе – я тоже понять не могу.

Ну вот теперь делайте сами выводы, насколько «точнее и надежнее» расчеты по снипам, что педалирует Балановский. Ну, почему он педалирует – ясно, расчеты по мутациям в гаплотипах он так и не освоил, и решил, что нужно поднять волну, что это никому не нужно, расчеты по снипам точнее. Правда, эти расчеты он сделал в статьях всего один раз, и капитально ошибся. Не тот коэффициент перехода взял, не 144, а 120, и не то количество снипов посчитал. А остальное, как гласит известный анекдот – всё верно.

*И. Рожанский* говорит:

Ветвь CTS11962 довольно сложно рассматривать в качестве модельного случая, потому что в силу не вполне ясных причин более чем у половины ее членов имеется довольно сложная мутация с не менее сложным названием – рекомбинационная потеря гетерозиготности с дупликацией. Не вдаваясь в тонкости ее механизма, поясню, что в мультикопийном маркере DYS464 она проявляется как одношаговый переход от, например, 12-15-15-16 к 12-12-15-15-15-16 и наоборот. Если считать “в лоб”, то вместо одной мутации мы здесь наблюдаем 4, причем непонятно, как при этом учитывать лишнюю пару 15-16 во втором гаплотипе. Соответственно, при расчете более-менее значительной выборки накапливаются “фантомные” мутации, которые искусственно ее старят. Приведенная выше пара является базовой для центрально-европейской ветви, причем она присутствует во всех дочерних ветвях и может иметь множество вариантов, проходящих по тому же самому механизму. Например, 15-15-15-15 или 12-12-12-15-15-15-16. То же самое, но в меньшей степени, происходит и в родственной западнославянской ветви L260.

Чтобы получить реальные датировки для своей собственной ветви, пришлось пойти на искусственный прием – откалибровать 107 маркерный формат (111 минус “неуправляемый” DYS464) по эталонной серии линий и рассчитать датировку без учета многочисленных

дубликаций. Сейчас точно не помню детали, но для ветви YP515 получилось около 2800 лет до предка, для L1029 – около 2600, а для всей CTS11962 – около 3000 лет назад. Впрочем, это частности, вызванные спецификой данной конкретной ветви. В целом же счет по большим выборкам протяженных гаплотипов дает намного большую точность, чем счет по снипам, особенно в масштабе 5000 лет и меньше.

*>> Не тот коэффициент перехода взял, не 144, а 120, и не то количество снипов посчитал.*

С этими коэффициентами тоже хватает подводных камней. В свое время я попробовал рассчитать его на примере выложенной на сайте YFull схемы гаплогруппы J2, которую можно считать почти идеальным модельным случаем из-за ее большой разветвленности. Получилось вполне симметричное дерево с разумным коридором погрешностей (порядка 12%), но с коэффициентом 90 (!) лет на снип. Если подставлять заявленные 144 года, то получаются нереально завышенные датировки. Это изменение никак не анонсировано на сайте и причины остаются неизвестны.

*Анатолий А. Клёсов говорит:*

*>> И если я правильно понимаю, то гаплотипы играют роль классификатора лишь внутри субклада?*

*>> Нет, неверно понимаете... И то, и другое – разные явления, но оба отражают динамику развития процессов во времени.*

Перечитав свой ответ уже на сайте, пришел к выводу, что меня несколько сбили к толку Ваши термины «гаплотипа-классификатора» и «играют роль лишь внутри субклада», которым Вы не дали определения. Не было и дано примера, который проиллюстрировал бы вопрос. В итоге я дал общий ответ, который верен, но у которого есть множество частных случаев.

Целая серия частных случаев определяется тем, что такое «внутри субклада». Дело в том, что такого вообще нет. У каждого субклада есть множество вышестоящих и нижестоящих субкладов. Поэтому когда Вы приводите название субклада и/или его снипа, надо понимать, что там «внутри» нет, это целая пирамида субкладов, всегда. Тогда какую роль играет гаплотип как «классификатор», если он находится где-то в середине пирамиды, и под ним есть еще масса других субкладов, по умолчанию включаемых в данный субклад? Тем более если подавляющее большинство из них науке пока еще неизвестно.

Поэтому в реальной жизни деревья гаплотипов имеют самый разнообразный вид, состоят из разных ветвей (или, наоборот,

показывают удивительную однородность), и в каждом случае задача обнаружения взаимосвязи между ветвями дерева гаплотипов и расчеты их хронологии решается по-разному.

Если Вы рассматриваете дерево, построенное из многих гаплотипов одной гаплогруппы, и берете для расчетов одну ветвь, которая по разным причинам привлекает Ваше внимание (например, ветвь субклада CTS10228 гаплогруппы I2a), то ветвь довольно однородна, но на самом деле состоит из четырех субкладов следующего уровня – S17250, Y4460, A2512 и Z17855. Все четыре образовались примерно 2200 лет назад, все четыре являются в подавляющем составе славянскими, все четыре простираются от Адриатики до Прибалтики. Вопрос – что здесь «внутри субклада» и что такое в этом отношении «классификатор» в виде гаплотипа. Гаплотипа какого субклада? Предкового, CTS10228? Или одного из четырех нижестоящих? Или их всех?

Так вот, перевожу в эту более конкретную ситуацию свой общий ответ, данный курсивом выше. Образование этих субкладов, и формирование гаплотипов в них и в последующих субкладах – разные явления, но оба отражают динамику развития процессов во времени. 2200 лет – это довольно малый срок, поэтому все четыре базовых гаплотипа практически одинаковы даже в 67-маркерном формате. Хотя какие-то аллели могли и измениться. А тем не менее четыре снипа «следующего уровня» уже проскочили, плюс десятки нижестоящих снипов. И что здесь «классификатор»?

Этот пример еще раз показывает то, что я здесь часто повторяю – надо проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Общие формулировки хороши только тогда, когда к ним нет частных случаев, когда они универсальны. А формулировать на уровне «человек человеку друг» – это на уровне пожеланий, потому что всегда можно найти случай наличия врага. Правда, любители софистики тут же скажут, что наличие врага – это исключение, подтверждающее общее правило, а правило – что человек человеку друг. Третий подключится и задаст вопрос – сколько должно быть врагов, чтобы это все еще рассматривалось как исключение. Два? Три? И так далее, дискуссия понеслась. Вскоре будут обсуждать, сколько врагов должно поместиться на кончике иглы. Обычное дело в дискуссиях.

*Людмила* говорит:

Анатолий Алексеевич, здравствуйте! У меня есть к вам несколько вопросов. Существует банк данных исследований гаплотипов граждан России. В частности, собирает ли такие данные ваша вновь открытая лаборатория? Является ли такая информация открытой? И если у вас есть такой банк данных, принимаете ли вы результаты других лабораторий? Спасибо.

*Академия ДНК-генеалогии* говорит:

Уважаемая Людмила! База данных московской Лаборатории ДНК-генеалогии формируется, и она будет открытой для научного и общественного использования. Но для публичного представления результатов тестов (разумеется, только тех из них и только в том формате, которые разрешены самими тестируемыми) необходимо провести немалую техническую работу, что требует организационных и материальных ресурсов. Это дело некоторого времени. Будет создан специальный сайт с нашей базой данных, удобный для пользования и совершенно бесплатный.

*И. Рожанский* говорит:

Результаты лаборатории FTDNA можно найти в базе данных IRAKAZ [по этому адресу](#). В нижней части окна есть файл для загрузки, где собраны данные с открытых проектов Русской равнины по состоянию на 22 апреля 2016 года.

*Цыгельнюк Олег* говорит:

Анатолий Алексеевич, из статьи получается, что R1a у поволжских народов (включая поволжских тюрков) в значительной части могли остаться от шнуровиков и фатьяновцев как субстрат?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Согласитесь, что обороты «получается» и «могли» не стыкуются, и скорее противоречат друг другу. И действительно, там картина более сложная. Поволжские тюрки – как правило, относятся к субкладу R1a-Z93, шнуровики и образовавшиеся из них фатьяновцы – скорее всего, окажутся преимущественно R1a-Z280. Более того, у современных поволжских народов за последующие тысячелетия картина еще более усложнилась – люди воевали в первой и второй мировых войнах, многих отправляли в ссылки, большинство служили в армии и не всегда возвращались в Поволжье, и напротив, те, кто там живут, далеко не всегда родились в Поволжье, как и их родители. Добавим к этому еще поволжских немцев, многие из которых имели гаплогруппу R1b.

То, что я сейчас написал – это «по понятиям», и написал это я только для того, чтобы показать, что картина ожидается сложная. А какая она будет – покажут прямые данные по тестированию и соответствующим хронологическим (ДНК-генеалогическим) расчетам. А также данные по ископаемым ДНК шнуровиков и фатьяновцев, и также скифов и хазар. Они там тоже определенно отметились. Не исключено, что картина

окажется более «маслом», несмотря на отмеченные (ожидаемые) пертурбации. Не исключено, что главные закономерности сохранятся, а все перечисленное – окажется «на манжетах», на уровне 10-15% диффузии. Мы не знаем. Поэтому важно вести исследования, не отвлекаясь на декларируемые (возможные) усложнения, и по мере появления новых данных вносить коррективы. Так развивается наука.

*Валерий из города на Неве* говорит:

Я не поленился и при помощи калькулятора подсчитал данные R1a татар [отсюда](#), и вот что у меня получилось:

общая доля гаплогруппы R1a среди других гаплогрупп составила 34%, далее процентное соотношения субкладов в ней:

R1a-Z280 –	53%
R1a-M458 –	16%
R1a-Z284 –	1,35%
R1a-Z93 –	25,7%
R1a-субклад не определён –	4%,

может, я что-то неправильно понял, но азиатская R1a-Z93 обнаружена только у четверти татар с R1a, честно говоря, не могу ничего понять, пожалуйста, помогите разобраться, спасибо.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> я не поленился и при помощи калькулятора подсчитал данные R1a татар [отсюда](#)...

Это информативно, что Вы сообщаете всем, что не поленились, и что использовали калькулятор. Это всем, конечно, важно знать. А то некоторые могли подумать, что Вас насильно заставили, и что Вы для арифметических расчетов использовали абак. Но Вам бы стоило обратить внимание на другое – а почему «отсюда» более достоверно, чем, например, [оттуда](#). А там – Вы удивитесь, сообщают, что у татар не 34% R1a, а всего 24.5%. Что делать будем? «Входит, выходит, смеется, застреливается», как иронизировали классики? Поэтому урок номер два – хотите получить ответ на свой вопрос, не хватайте, что под руку подвернется, а сопоставляйте данные из разных источников.

Как Вы уже понимаете, доля субклада R1a-Z93 у татар окажется разной по выборкам из разных источников. Поэтому вопрос надо ставить не так – «почему доля R1a-Z93 обнаружена только у четверти», а «какая доля R1a-Z93 у татар из разных выборок». Получится уже не одно число, а диапазон, возможно, весьма широкий. И тогда Ваш вопрос «не могу

*ничего понять, пожалуйста, помогите разобраться»* будет, видимо, поставлен уже по-другому. Или будет даже не вопрос, а утверждение, например – «оказывается, что татары очень гетерогенны по разным гаплогруппам, включая R1a». Хотите узнать, почему? А жизнь такая была.

*Виктория В.С.* говорит:

Данные по крымским татарам впечатляют и стыкуются с большинством версий, которые сформулировала ДНК-генеалогия.

Что касается получаемой лингвистами даты распада языка на балтийскую и славянскую группу, то я вижу корреляцию со временем Троянских событий в малой Азии и появлением венетов на Адриатике. Почему это не может быть объяснением появления этой “вилки”. По-моему, такой территориальный разброс должен был привести к самостоятельному саморазвитию до этого единого языка Z280. Вариантов могло быть больше, чем два – мы знаем те, которые дошли до наших времён.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> Что касается получаемой лингвистами даты распада языка на балтийскую и славянскую группу, то я вижу корреляцию со временем Троянских событий в малой Азии и появлением венетов на Адриатике.*

Понимаете, какая штука – Вы корреляцию видите, а я вот не вижу. Что делать будем? На уровне «я вижу» дискуссий не получается, если другой видит нечто еще. А другой всегда видит нечто еще. Так вот, там не «корреляция», а просто близость датировок: времена Троянских событий – конец II тыс. до н.э., и выдвигаемая некоторыми лингвистами датировка распада «древних балтских языков» на балтский и славянский – примерно 3400 лет назад, погрешности обсуждать даже не будем. Но этого мало, в середине-конце II тыс. до н.э. много чего происходило.

Венеты под именем энетов, если следовать Гомеру и некоторым античным историкам были отмечены в Малой Азии (в Лидии, возможно, в соседней Пафлагонии) до Троянских войн, и какой язык мы им припишем – балтский или славянский? Наверное, ни тот и ни другой. Если их путь в Малую Азию был из фатьяновской культуры, причем в те же времена, когда степные арии передвигались по Евразии, и эти группы разошлись примерно 4500 лет назад, то есть за тысячелетие до энетов в Малой Азии, то язык их был скорее всего немного измененный арийский. Но тогда какой это «распад балтских языков», если и на Балтике носители R1a, продвинувшиеся туда из фатьяновской культуры, говорили на арийском в его лексикостатистической динамике, и носители R1a в Малой Азии и на Адриатике, продвинувшиеся туда из



той же фатьяновской культуры, тоже говорили на арийском в его лексикостатистической динамике. Иначе говоря, это было расхождением арийских языков, языков фатьяновской культуры, на определенные диалекты, скажем, на праславяно-балтийские, праславяно-малоазиатские и праславяно-адриатические. Но тогда где там «балтские языки», как их описывают лингвисты, сообщая, что это были языки шнуровой и фатьяновской культур? А на самом деле это просто переименованный летто-литовский язык. Не говоря о том, что мы видим, как считаются датировки расхождения языков у лингвистов. Грея и Аткинсона у них не пинал только ленивый.

Наконец, если при таком развитии событий этеты-венеты после падения Трои (как сообщают античные историки, хотя верить им можно только после проведения верификации разными способами) со своим праславяно-арийским языком были привезены в ссылку в Иллирию и Фракию, и оттуда стали венетами, и пришли за янтарем (в частности) в Прибалтику, и там познакомились с праславянами-прибалтами с их праславяно-арийским языком, диалектно-отличающимся от языка венетов, и в итоге после длительных контактов (а также с праславянами-кельтами с их тоже индоевропейским языком, и тоже, возможно, производным фракийского), постепенно выработался прибалтийский вариант славянского языка. Далее, при появлении на исторической арене в восточной Европе носителей гаплогруппы I2a с Дуная-Карпат, произошла притирка языков, или I2a просто приняли тот праславянский язык, и постепенно выработался славянский язык начала-середины нашей эры.

Вопрос – где здесь виден «распад балтского языка с образованием славянского», да еще и с определенной датировкой ранее Троянской войны? При том, что балты, если под ними понимать предков современных литовцев и латышей прибыли в Прибалтику только через тысячу лет? Ответ простой – лингвисты здесь играют в некую игру с фантомными фигурами, и получают фантомные же результаты и «датировки». Но в Вашем вопросе есть правильное зерно – нельзя принимать их датировки и «расхождения», если к ним не прилагаются описания соответствующих исторических событий. Не могут языки распадаться просто так, их вызывают расхождения людей по своим миграциям. Так что, лингвистам никуда не деться без ДНК-генеалогии.

*Виктория В.С. говорит:*

*>> Не могут языки распадаться просто так, их вызывают расхождения людей по своим миграциям.*

Только об этом и речь была. Очень большой ареал миграций для R1a-Z280, чтобы язык потомков разных частей “не разошёлся” – разный исторический путь и разные соседи. И конечно, если вдруг возникло

впечатление, что я говорила о “распаде балтского языка”, то это неверное впечатление. “Балтский язык” – это современное понятие, 3500 л.н. его не было. Я согласна с тем, что “без ДНК-генеалогии тут никак не обойтись”. И тут полная аналогия. Славянские и балтские языки произошли не друг от друга, а от одного источника. Точно так же, как исторические индо-ирано-арии и европейские нынешние славяне и балты произошли от “одного источника” в своей части, которая связана с гаплогруппой R1a.

*Илья Рыльчиков* говорит:

Уважаемый Анатолий Алексеевич, от всей души благодарю вас за новую интереснейшую статью. Вы анонсируете продолжение, в котором хотите рассказать “о «финском субстрате» на территории Среднерусской возвышенности” и доказать, что этот субстрат – плод воображения. В связи с этим я хотел сказать, что меня очень удивил тот факт, что эрзяне или эрзя на 55% – R1a-Z280. По крайней мере, имеется такая информация в интернете. Думаю, в 6-й части вашей статьи будут данные по различным народам и регионам Поволжья, и по эрзи, и по их соседям. На форумах представители этого народа уже пишут о себе, что они никакие не финно-угры. Хотелось бы узнать, этот народ имеет какой-то свой более менее отдельный отстоящий от других субклад, или с точки зрения ДНК-генеалогии эрзя тесно переплетены с русскими и неотделимы от последних? Также хочется спросить, повторяется ли ещё среди народов Поволжья и их соседей на Русской Равнине (среди небольших народов) такой же феномен с R1a-Z280, как у эрзя, ну пусть не с 55%, хотя бы с 40%. Получается, что вал ДНК-анализов и ледокол ДНК-генеалогии основательно ломает трёхвековой панцирь норманнских и финно-угорских лживых теорий. Вы об этом постоянно говорите, эрзя с их R1a красноречивый тому пример.

*И. Рожанский* говорит:

>> *меня очень удивил тот факт, что эрзяне или эрзя на 55% – R1a-Z280...*

Полагаю, удивление усилится, если добавить, что по своей гаплогруппе N народы Поволжья сильно расходятся с прибалтийско-финскими народами, славянами и балтами. По последним полевым выборкам, собранным эстонскими пошгенетиками, в Поволжье преобладает субклад N1c-Y9022, который разошелся с европейским L1026 около 7500 лет назад. Это раньше, чем разошлись пути финнов с якутами, нанайцами и чукчами. На втором месте у коренных народов региона – ветви N-P43 (бывшая N1b), что уходит еще глубже – до 15000 лет. И та, и другая ветвь идут “поперек” языковых групп и семей, но у русских встречаются очень редко. Что это были за “неправильные” финно-угры, которые почему-то не захотели ассимилироваться по рецептам норманистов?

Анатолий А. Клёсов говорит:

>> ...“о «финском субстрате» на территории Среднерусской возвышенности” и доказать, что этот субстрат – плод воображения.

Да, именно плод воображения. Проведите простой эксперимент – когда этот «финский субстрат» упоминают, посмотрите, чем его обосновывают. Как правило – ничем, просто фигура речи. В остальных случаях пишут, что речные топонимы – финские. Причем по всей Русской равнине. Никаких обоснований опять не дают. Иногда пишут – «нашли финские артефакты», например, височные кольца. Даже когда они по всей Русской равнине, тысячами – но все «финские».

Вот, пожалуйста, Борис Акунин – «История Российского государства». Акунин как историк, конечно, не фигура, но он читаем, поэтому вкладывает свои «понятия» в голову многочисленных читателей. Глава «Кто здесь жил раньше?». Начинается с того, что то за территория, «на которую пришли русославяне». И далее – «коренным, изначальным народом древнерусского Леса безусловно являются финно-угорские племена...». И далее ссылается на Геродота, согласно которому «из далеких племен, которые двадцать пять веков назад жили к северу от Скифии, два, по мнению историков, скорее всего, были протофинскими: меланхлены и андрофаги». О первых известно только то, что они носили черные плащи, о вторых – что не имели никаких законов и питались человечиною. И дальше рассказывается, что в каком-то из финских племен существовал обычай поедать своих умерших родителей. И далее у Акунина – «если геродотовы меланхлены и андрофаги действительно являются предками..., значит...». Понятно, можно уже не продолжать. Вот такой уровень обоснования.

Но штука в том, что «двадцать пять веков назад» – это относительно недавние времена, это середина I тыс. до н.э., а праславяне, носители гаплогруппы R1a, жили там к тому времени уже несколько тысячелетий. Поэтому вопрос «Кто здесь жил раньше» уже решен, это были явно не финны. 2500 лет назад носители гаплогруппы N1c1 только прибыли на Балтику, и у них уже был ИЕ язык, или они его приобрели на Балтике после прибытия. Так что не складывается у Акунина и иже с ним.

И далее Акунин переходит к тому, что «у большинства рек и речек финские имена», и приводит примеры – Москва, Волга, и так далее. Обоснований нет, он просто списал у других. То, что множество специалистов это оспаривают, Акунин не пишет.

Ситуация та же, что и с норманистами (Акунин, кстати, среди них). Все изложения – только в одну сторону, до абсурда. То, что практически все из них уже успешно низвергнуты, об этом они не упоминают. То, что потомков «скандинавов» на Русской равнине не найдено, уже знают, но

никогда не упоминают. Потому что у них это не наука, это у них идеология.

>> На форумах представители этого народа (эрзя) уже пишут о себе, что они никакие не финно-угры.

Если у них действительно в среднем 55% R1a, и разговаривают они (и их родители как минимум в трех поколениях) не на финно-угорских языках, то глупо утверждать, что они «финно-угры». Финно-угры – это носители финно-угорских языков. А тем, на форумах, виднее (и слышнее), на каком языке разговаривают. Но «противная сторона» это не хочет слышать. По ним, на древних территориях Русской равнины жили «скандинавы», причем десятками и сотнями тысяч, и «финно-угры». Как, говорят они, потомков «скандинавов» не найдено? А у «финно-угров» доминируют R1a и I2a? Да, незадача. Но, значит, ассимилировали, ославянили. Это же идеология, помните?

>> Хотелось бы узнать, этот народ имеет какой-то свой более менее отдельный отстоящий от других субклад, или с точки зрения ДНК-генеалогии эрзя тесно переплетены с русскими и неотделимы от последних?

Я об этом уже неоднократно писал. У народов Поволжья и их соседей у всех свой набор гаплогрупп, он не повторяет набор этнических русских.

У удмуртов 15% R1a, 13% R1b, 67% N1c1.

У мордвы 36% R1a, 11% R1b, 14% J2, 15% N1c1.

У коми 29% R1a, 11% R1b, 51% N1c1.

У марийцев 32% R1a, 61% N1c1.

У чувашей 32% R1a, 13% J2, 28% N1c1.

Сергей говорит:

Относились ли предки эрзя к русам, которые “не ушли с ариями, а остались”?

Анатолий А. Клёсов говорит:

Не знаю, откуда такой особый интерес к эрзя и их предкам, но замечу, что кто бы они ни были, но они «остались». В базе данных IRAKAZ есть одиннадцать гаплотипов, носители которых заявили себя как эрзя. Это:

Z93 > Z94 > Z2124 > Z2125 (двое), Нижегородская область и Мордовия

Z280 > CTS1211 > YP340 (западно-карпатская ветвь)

Z280 > CTS1211 > CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 (восточно-карпатская ветвь) (двое)

Z280 > CTS1211 > CTS3402 (балто-карпатская ветвь)

Z280 > Z92 (северо-евразийская ветвь) (трое)

Z280 (субклады неизвестны) (двое) (Самарская область и Ульяновская

область)

Как мы видим, эрзя очень гетерогенны по субкладам.

*Евгений В.* говорит:

Что можно сказать про сноп YP951, где он зародился, какие народы к нему могли принадлежать? Игорь Львович [в одном из своих комментариев](#) давал ссылку на данные по палео-ДНК, где есть следующая информация: "RISE436 Tiefbrunn Corded Ware, датирован 2868-2580 годами до н.э. Образец плохого качества, почти нет покрытия. Сноп YP976 относится к уровню R-YP951 ("силезская" ветка на молгене). Возраст YP976 по верхнему порогу не должен превышать 4400 лет, так что в данном случае или ошибка секвенирования при плохих входных данных или ошибка датировки останков". Согласно данным YFull сноп YP951 образовался 3800 лет назад ( $\pm 500$  лет), то есть может попадать по верхней границе в нужный диапазон (который тоже не абсолютно точен). Образец RISE436 найден в современной Баварии. Мог ли сноп YP951 образоваться на территории Баварии или это противоречит картине миграций? На карте, составленной Игорем Львовичем, нет ни одной метки с территории современной Баварии, но есть метки с родительским снопом YP237 совсем рядом.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый Евгений, как я понимаю, YP951 - это Ваш сноп. Но представляете, если все те, у которых определили сноп, будут сюда писать и просить им растолковать их личный сноп. Но Ваш личный сноп совершенно не интересует тысячи других читателей, и довольно быстро этот ресурс превратится в затор из запросов на персональные интерпретации. Поэтому советую Вам обратиться [в Академию ДНК-генеалогии](#) за персональным исследованием, и это будет сделано нормальным путем, не через открытый ресурс.

*Дмитрий Л.* говорит:

Субклад R1a-M458, по крайней мере его центрально-европейская ветвь, хорошо соответствует культуре полей погребальных урн (датируется 13-8 вв. до н.э.) и по распространению ([см. карту](#)), и по определенному в статье возрасту общего предка (3100 $\pm$ 300 лет назад). Из этой культуры выводят кельтов, италиков, иллирийцев, а также венедов (культура Эсте на северо-востоке Италии, 900-183 гг. до н.э.).

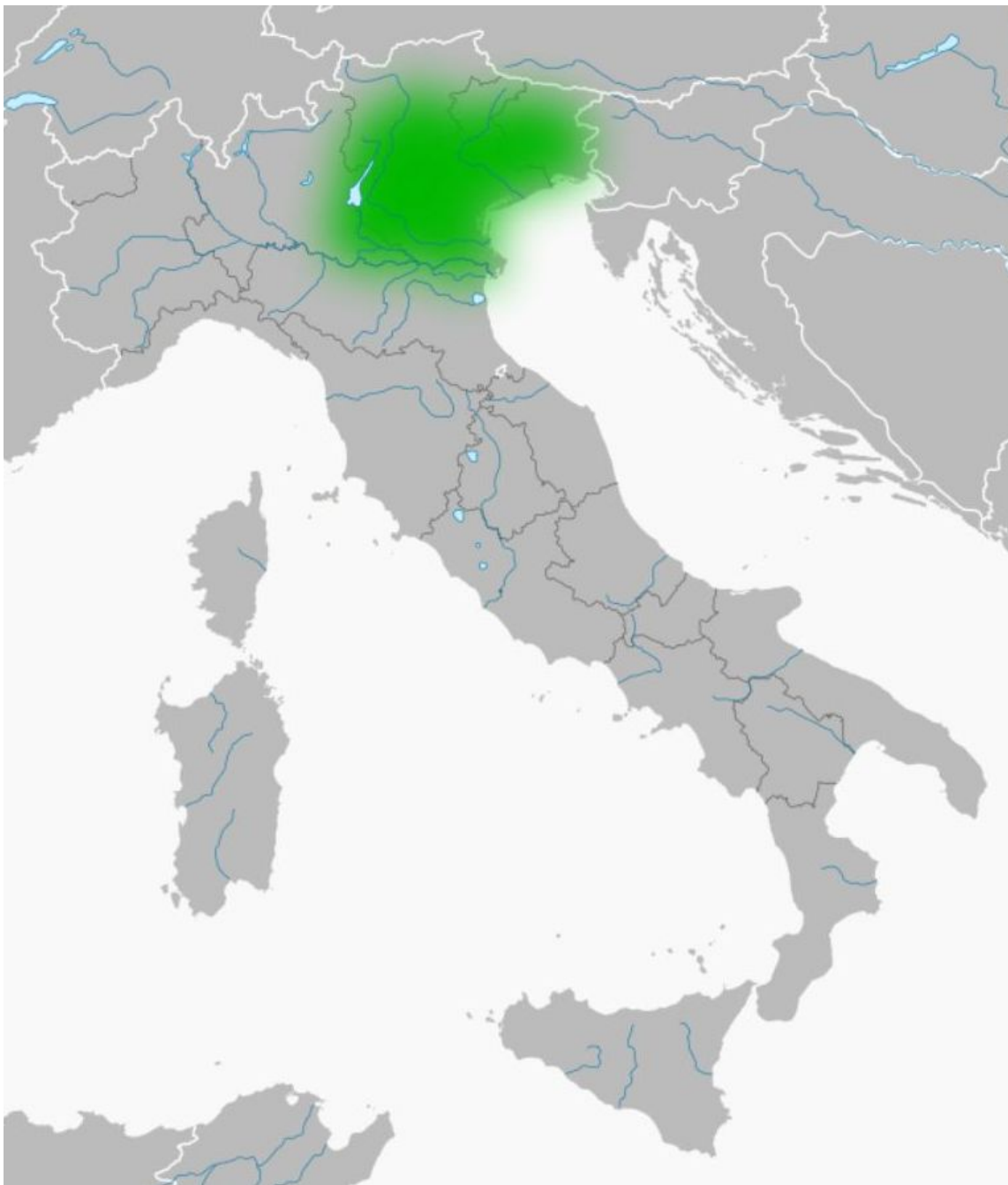
*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Уважаемый Дмитрий, Вы связали в двух фразах целый ряд «факторов», и эти связки все довольно непростые. Что-то из них может оказаться

верным, или частично верным, что-то нет. Почему так? Потому, что эти связки все базируются на двух довольно шатких критериях – совпадение во времени (в диапазоне веков) или совпадение по территории (которая по сути вся Европа), причем и там, и там зазор довольно велик. Мы знаем, что в те времена произошло множество разных событий, и на тех территориях тоже произошло множество разных событий. Поэтому можно найти множество пар (по времени и территории), которые есть соблазн связать, но только очень немногие из них будут иметь исторический смысл. Вывод из этого введения – наличие определенного времени и общей европейской территории (или даже ее части) является недостаточным для связки двух событий, которые произошли в Европе примерно в течение одних и тех же нескольких веков.

Далее, не стоит обращать внимание на то, что формулируется в виде «из этой культуры выводят...». Это – всего лишь мнение. Надо непременно смотреть, какие данные (в смысле факты) взяты для этого за основу. Слишком часто мы видим, как это «выводят» базируется опять же на мнениях, или на крайне шатких натяжках. Теперь после этого введения, которое, строго говоря, является разгромным, но все-таки оставляет некоторые возможности для выдвинутых формулировок, в том случае, если они подтверждены другими данными, перейдем к тому, есть ли такие данные, и что это за данные.

Начнем с конца, а именно с венецкой культуры севера Адриатики, которую в английской и немецкой литературе называют культурой Эсте (от названия древнего города Аteste, который предположительно был главным городом венецков), на итальянском – Civiltà atestina. Поэтому называют и атестинской культурой. Есть еще название – палеовенецкая культура, но оно, на мой взгляд, крайне неудачно, потому что «палео» по смыслу совсем уж древнее, типа «палеолит». Венецки там на такое «палео» никак не тянут. Согласно буквально всем историкам античности, венецки (энецки) были насильно, в ссылку, привезены в Иллирию, на север Адриатики, из Лидии или Трои, после падения Трои в конце II тыс. до н.э. Об этом писали римские историки Марк Юниан Юстин и Тит Ливий, писал Помпей Трог в своей «Всемирной истории» (1-й век до н.э.). Писал об этом и Зенодот Эфесский (4-3 вв. до н.э.) – «...Эти венецки ... потеряв своего вождя во время Троянской войны, они переправились в Европу (во Фракию), далее, после долгих скитаний, прибыли в Венецию Адриатическую». О них писал Геродот в 5-м веке до н.э., называя их «энецки на Адриатическом море» и «иллирийские энецки». Теперь посмотрим на карту, на которой отмечена (зеленым цветом) венецкая культура:



Это – современная Венеция, территория старой Иллирии, Северная Адриатика, в точности место, куда Атенор (согласно «Всемирной истории Помпея Трога») доставил плененных венетов.

Теперь смотрим на Ваш комментарий, согласно которому венетская культура «выводится» (кем выводится – не сообщено, на основании чего выводится – не сообщено) из «культуры полей погребальных урн (13-8 вв. до н.э.)». Да, времена в целом те же, а что еще? Да ничего, наверное. То, что венеты сжигали своих умерших? Да, сжигали, но не только

сжигали, но и хоронили. Но если построения, которые я привел, подтверждаются другими независимыми данными и наблюдениями, то ниоткуда венетская культура там не «выводится», ее основателей доставили из Малой Азии. Историк это должен был бы знать, но у него, видимо, размышления прямолинейны – сжигали покойников? Да. Значит, вышли из европейской культуры полей погребальных урн. И русскоязычная Википедия не отстает – пишет, что атестинская культуры вышла из культуры протовиланова, в регионе Болоньи, юго-западнее от Венеции.

Так вот, откуда следует, что венеты – это носители R1a-M458? По-моему, ниоткуда. Вообще-то не исключено, как и многое другое, но надо приводить данные. С другой стороны, на Адриатике гаплогруппа R1a – почти исключительно субклада Z280, ветви балтийская, балто-карпатская, восточно-карпатская, северо-карпатская, западно-карпатская, центрально-евразийская, западно-евразийская, северо-евразийская. Все 18 найденных сербских и боснийских гаплотипов, у которых известны субклады – северо-карпатской ветви (два исключения – балтийский и балто-карпатский). Из десяти хорватских гаплотипов R1a – семь балто-карпатских, и по одному восточно-карпатский, западно-карпатский и центрально-европейский (R1a-M458). Вот и нашли один M458, но явно в меньшинстве.

Что же касается M458 как типичному представителю культуры полей погребальных урн – исключить не могу, конечно, но это надо изучать и доказывать. Просто предполагать – это маловато.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *Ветвь CTS11962 довольно сложно рассматривать в качестве модельного случая...*

Придется в очередной раз вернуться к смыслу дискуссий, и зачем они нужны. В большинстве случаев дискуссионный комментарий предназначен для следующего: (1) для того, чтобы **оспорить**, показать **несостоятельность** приведенного ранее (оппонентом) вывода и/или данных, на которых этот вывод базировался, (2) для **подтверждения** сделанного ранее вывода, приведя новые данные, и (3) для того, чтобы привести **новую информацию**, привести новые данные, но не обмолвиться, правилен или неправилен сделанный ранее вывод; мол, пусть читатели сами решают.

В этой «системе координат» замечание курсивом выше попадает в первый вариант; по сути, делается возражение против того, что ветвь CTS11962 (это – центрально-европейская ветвь субклада R1a-M458) рассматривается в качестве «модельного случая». Здесь – двойное недоразумение. Во-первых, эта ветвь была взята в качестве примера,



потому что в деталях рассматривалась в предыдущем сообщении, как раз сообщении «критика». Именно там она рассматривалась как «модельная», демонстрационная. Можно ли понимать так, что автор критического комментария делает это замечание самому себе? Во-вторых, эта ветвь была взята для того, чтобы показать, причем в очередной раз, что расчеты по снип-мутациям часто неточны, причем неточны значительно. Можно ли понимать замечание (курсивом выше) так, что расчеты по снип-мутациям как раз точны, но CTS11962 выбрана неудачно, и «модельной» в этом отношении не является?

Ну, и заодно автор комментария сообщает, что расчеты по гаплотипам (и мутациям в них) ветви CTS11962 являются некорректными (это слово не фигурировало, но по сути оно прозвучало), потому что «при расчете более-менее значительной выборки накапливаются “фантомные” мутации, которые искусственно ее старят». Насколько «старят», сообщено не было. Если старят, например, на 10%, или в пределах обычных погрешностей расчетов, то стоит ли это того, чтобы об этом упоминать? Поскольку это не пояснено, то тем самым вносится путаница, смущение умов, некоторые особенно чувствительные натуры могут прийти к выводу, что и другие расчеты в ДНК-генеалогии – фантомные, раз этим пугает один из крупнейших специалистов в ДНК-генеалогии.

Вот чтобы эти «пугания» развеять, приходится делать комментарий, в котором на эти вопросы получены ответы.

Сначала – ответ на главный вопрос, который относится к большим ошибкам при расчетах по снип-мутациям. «Модельная» ли ветвь CTS11962, или «не модельная» – не имеет здесь никакого значения. Можно взять буквально любой снип любой гаплогруппы, кликнуть на кнопку info на сайте YFull, и убедиться, что при выборке в несколько десятков человек разброс по числу снипов от выбранного снипа до настоящего времени у этих человек обычно не менее плюс-минус 50%. И этот разброс автоматически переносится на расчеты датировок по снипам. Поэтому замечание курсивом выше не имеет никакого отношения к главному выводу сделанного ранее комментария. Некое оспаривание сделано, но оно беспредметно.

Кстати, написав это, я наугад взял в качестве примера снип R1b-U152, и, заглянув на сайт YFull, увидел, что для выборки из 100 человек число снипов до U152 от настоящего времени варьируется от 18 до 44 (это – со всеми поправками на размер фрагмента Y-хромосомы), что по расчетам YFull соответствует вариации датировки образования R1b-U152 от 2652 до 6383 лет назад. YFull взяли среднюю величину 32.24 (!) мутаций, получили среднюю величину датировки 4716 лет назад (погрешность во внимание не приняли), и выставили на сайте окончательную датировку 4600±300 лет назад (!!). То есть с погрешностью примерно 6% (!).

Так как, «модельный» у меня был пример, или обычный?

Но, возможно, слово «модельный» относилось к чему-то другому? Что в данном случае не стоит учитывать маркеры DYS464? Но почему бы тогда не дать конкретные результаты расчетов, с этими мультикопийными маркерами, и без них? Тогда читатели сами бы посмотрели, фантомные там получаются датировки, или все-таки приемлемые. Совет – не надо читателей запутывать, не показывая конкретные примеры.

Ну что же, придется самому. Я взял последнюю редакцию базы данных IRAKAZ, в ней имеются 413 гаплотипов субклада/снипа L1029, и 25 гаплотипов субклада/снипа YP509.

Для всех 413 гаплотипов L1029 в 67-маркерном формате имеются 4967 мутаций, что дает  $2750 \pm 280$  лет до общего предка. Заметим, что в моем предыдущем сообщении датировка была  $2750 \pm 320$  лет, практически идентичной, хотя выборка была другой, она включала в себя гаплотипы ветви, которая была идентифицирована как L1029, с дерева гаплотипов.

Мультимаркерные DYS464 дают здесь 468 мутаций, то есть менее 10% от всех мутаций. Мы уже видим, что пугать «фантомностью» здесь неуместно, это в пределах обычной погрешности расчетов. И действительно, оставшиеся 4499 мутаций на 413 гаплотипов в 67-маркерном формате дают  $2610 \pm 260$  лет до общего предка, отличие всего в 5% от предыдущей датировки, с мультикопийными маркерами. Ну и где «фантомность»? В этих расчетах помогает калькулятор КК, он и мутации считает, и датировки, и константы скорости мутаций при снятии отдельных маркеров.

Для снипа YP509 ситуация подобна, на 25 гаплотипов с мультикопийными DYS464 имеется 301 мутация,  $2755 \pm 320$  лет до общего предка. На DYS464 приходится 35 мутаций, при их снятии остается 266 мутаций, датировка  $2550 \pm 300$  лет до общего предка. Разница – 9%. Остается спросить опять – ну и где там «фантомность»?

Между их базовыми гаплотипами, L1029 и YP509, остаются те же три мутации (см. предыдущее сообщение), поскольку в мультикопийных DYS464 мутаций там нет. Поэтому разница между ними – те же 650 лет, что я сообщал в предыдущем комментарии, и их общий предок, субклад CTS11962, жил  $(2750 + 2755 + 650) / 2 = 3080$  лет назад. Остается процитировать итоговые расчеты Игоря Львовича – «для всей CTS11962 – около 3000 лет назад».

Итак, разобрались и с «модельностью», и с «фантомностью». Ничего этого не оказалось. Остается процитировать и финальный вывод ИЛР – «В целом же счет по большим выборкам протяженных гаплотипов дает

намного большую точность, чем счет по снипам, особенно в масштабе 5000 лет и меньше». Это было именно то, о чем говорилось в моем исходном комментарии, то есть полностью попадает в категорию (2), обозначенную в начале этого комментария. Что и требовалось доказать.

Ну и последнее:

>> Не тот коэффициент перехода взял, не 144, а 120, и не то количество снипов посчитал.

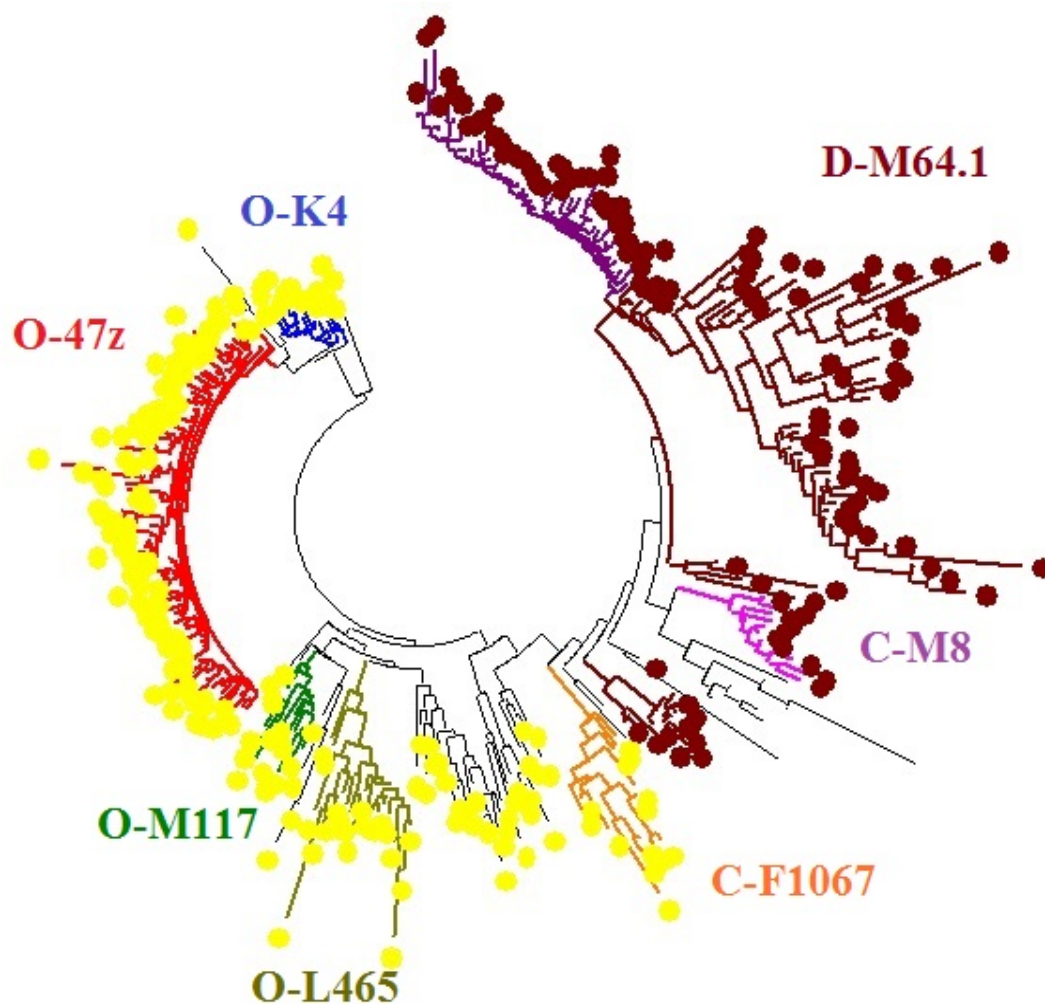
>> ...В свое время я попробовал рассчитать его на примере выложенной на сайте YFull схемы гаплогруппы J2... Получилось вполне симметричное дерево... с коэффициентом 90 (!) лет на снип. Если подставлять заявленные 144 года, то получаются нереально завышенные датировки. Это изменение никак не анонсировано на сайте и причины остаются неизвестны.

Я не очень понял, что должны были анонсировать коллеги из YFull, и откуда получился коэффициент 90 лет на снип. Ведь для этого должна быть заранее известна некая независимая датировка для гаплогруппы J2, а откуда она появилась? Не проще ли признать, что эта независимая датировка вычислена неправильно?

Более того, трудно себе представить, что снип-мутации в Y-хромосоме знают, что в нуклеотиде под номером 14 миллионов 969 тысяч 634 вместо тимина сидит гуанин, что делает Y-хромосому относящейся к гаплогруппе J2, и потому они вместо 144 лет (в среднем) на мутацию (в стандартном фрагменте Y-хромосоме) мутируют раз в 90 лет. Причем все, неважно, на каком континенте они оказались. Скорее, в расчетах где-то ошибка – или не на тот фрагмент Y-хромосомы пересчитали, или ошиблись в других расчетах, или за исходное условие взяли что-то не то.

И. Рожанский говорит:

Предложенная здесь модель этногенеза восточно-балтских народов с позиций ДНК-генеалогии достаточно хорошо описывается моделью, которую я [в первой части статьи о шумерах](#) назвал японской, поскольку в наиболее последовательной форме она проявилась на Японском архипелаге. Вот как выглядит сводное дерево репрезентативной выборки из 320 23-маркерных гаплотипов японцев, где коричневыми кружками помечены потомки аборигенов, заселивших острова со стороны Сахалина не позднее 14000 лет назад, а желтым – линии, восходящие к переселенцам с Корейского полуострова в последние века до н.э.



Налицо почти полное равенство как в количественном соотношении, так и в структуре аборигенных и пришлых линий. Древняя островная гаплогруппа D-64.1 не показывает каких-либо существенных разрывов в своей родительской ветви, как, например древняя европейская гаплогруппа I. Следовательно, ее рост стабильно продолжался и после того, как культура каменного века Дзёмон (в буквальном переводе – шнуровой керамики) сменилась культурой развитого железного века Яёи. Более того, одна из ветвей D-64.1, с терминальным снипом CTS5406 (она на схеме вверху) и предком, жившим  $2200 \pm 280$  лет назад, оказалась одной из самых демографически успешных в Японии, и охватывает сейчас до 15% всех ее жителей. В Сети можно даже встретить спекуляции (ничем, впрочем, не подтвержденные), что к этой ветви принадлежит императорская фамилия и родственные ей кланы высшей японской аристократии. Налицо полная аналогия со спекуляциями относительно происхождения Рюриковичей и Гедиминовичей.

Суммируя сказанное, можно сказать, что следствием «японской» демографической модели становится не полная ассимиляция и подавление одного этноса другим, более развитым, и их слияние, в той

или иной степени гармоничное. То, что мы знаем из археологических и лингвистических данных по Прибалтике, говорит в пользу этой модели.

Что касается расселения эрбинов в Европе, то, если популяционисты ничего не напутали с 17-кратным сокращением мужского населения, то мы имеем дело с другой демографической моделью, которую я назвал (не совсем политкорректно) западноафриканской. Помимо Западной Африки, в наиболее последовательном виде она проявилась в Юго-Восточной Азии, где практически полностью оказались стерты Y-хромосомные линии людей, живших там до прихода земледельцев с севера. То, что они там когда-то были, можно судить по обрывкам из гаплогрупп C, D, F\* и K\* на Андаманских, Зондских и Филиппинских островах, равно как и по хорошо заметной австралоидной компоненте в фенотипах тайцев, малайцев или кхмеров.

Однако, судя по всему, популяционная модель с Европой все же дала сбой. Во-первых, не слишком понятно, каким образом можно «технически» уничтожить 94% мужчин в масштабах всего континента, не имея при этом подавляющего перевеса в численности и технологии, особенно военной, причем даже в местах, не соприкасавшихся с культурой колоколовидных кубков. Например, на Днепре, где процветала Трипольская культура.

Во-вторых, почти поголовное истребление мужчин неминуемо приведет к полной дезинтеграции подвергнувшегося геноциду народа. Это только в мифах амазонки строили общественные отношения без мужчин, а в реальности такой народ за одно-два поколения рискует утратить все свои традиции, язык и память о предках, навсегда исчезнув из истории. Пример с Юго-Восточной Азией я уже приводил, можно его дополнить более недавним. Это судьба коренных жителей Антильских островов – араваков и карибов. От них не осталось ничего, кроме горстки географических названий, слова «табак» и небольшой доли индейских аутосомных маркеров у потомков первых европейских поселенцев на Кубе, в Пуэрто-Рико и Доминиканской Республике. Мужчины из этих племен погибали весьма избирательно, сначала в стычках, когда их сгоняли с плодородных земель под плантации сахарного тростника, а затем на самих плантациях от непосильного труда и болезней. Исчезли мужчины – исчез народ. Индейские матери ничего не передали своим детям-метисам. А вот сменившие их африканцы, напротив, сохранили свои древние традиции (а также реликтовые гаплогруппы A0 и A00), создали новые креольские языки и очень своеобразную культуру, влияние которой ощущается теперь повсюду. В отличие от индейцев, достававшихся плантаторам даром, за рабов надо было платить звонкой монетой, и хозяева вовсе не были заинтересованы в том, чтобы те умирали преждевременно. Результат налицо. Насколько можно судить по преемственности археологических культур Европы, ее жители не

разделили судьбу аборигенов Индокитая и Антильских островов (в плане утраты знаний о прошлом), что была бы неизбежна при почти полном истреблении мужчин. Да и сама культура колоколовидных кубков была довольно короткоживущей, и вскоре сменилась различными локальными вариантами, продолжавшими местные традиции.

Наконец, в-третьих, есть объективные данные палеогенетики, согласно которым люди из «исчезнувших» или «бежавших» гаплогрупп I2, G2a и R1a продолжали жить в Центральной Европе уже после того, как там появились эрбины. Например, у людей из Унетицкой культуры, которую обычно считают продолжением ККК, пока обнаружили только гаплогруппу I2, хотя, конечно, о закономерности пока говорить рано на столь малой статистике. Недавно в FTDNA появилась возможность оценить вклад аутосомных сніпов из ископаемых геномов Европы каждому, кто сделал тест Family Finder. Можно по-разному относиться к таким калькуляторам, но, если не впадать в ничем не оправданную детализацию, качественно они неплохо передают вклады разных популяций в родословную. Сужу об этом по своему опыту работы администратором проекта. Так вот, оказывается, что по этим компонентам все европейцы с корнями к северу от Альп и Балкан практически неразличимы. Вклад аутосом ископаемый «бикеров» (людей из ККК) у британцев, немцев и скандинавов не превышает 15%, что было бы невозможно при полной смене мужских линий по «западноафриканскому» сценарию. Для него следовало бы ожидать не менее 50%, что совсем не одно и то же даже при всем несовершенстве геномных расчетов. То же самое относится к славянам и вкладу «кордидов» в их геномах. Остальные 85% (с некоторым разбросом) – это вклад европейцев, живших во времена неолита.

Вряд ли следует оспаривать роль эрбинов в изменении этнического ландшафта Европы, но происходило это далеко не в стиле голливудских фильмов-катастроф. Процесс «вымывания» линий Старой Европы был, очевидно, довольно долгим и не всегда односторонним. Можно привести примеры резкого взлета гаплогрупп I1 и I2a-CTS10228, когда они силой обстоятельств стали одними из «этнообразующих» линий у германцев и славян, соответственно. Не надо также забывать, что в последние 3-4 тысячи лет население Русской равнины, хотя и уступало в численности Западной Европе, но было довольно стабильным. Никто никого особенно не подавлял – места хватало всем. На Западе демографическая ситуация была иной. Периоды бурного роста перемежались с резкими спадами, вызванными войнами, эпидемиями и переселениями народов. К примеру, в своей истории Россия никогда не знала такой убыли населения, которую понесла Европа во время религиозных войн. Каждое колебание маятника, как в одну, так и в другую сторону, отсекало какую-то часть минорных линий в силу

законов статистики, и это продолжалось вплоть до Нового Времени. Таким образом, сравнительно небольшой поначалу перевес эрбинов, который они получили в Центральной Европе в эпоху бронзы, постепенно развился в современные 45% у немцев, а также 25% у чехов и 15% у поляков. Так что не только славян онемечивали, но и они сами ославянивали германские или кельтские народы, жившие рядом с ними.

Возможно, тот же самый ход событий с «пульсациями» населения привел к современному доминированию гаплогруппы O на севере Китая, где в эпоху неолита доминировала гаплогруппа N, причем именно ее носители заложили основу китайской цивилизации. Древнекитайские историки ничего не сообщают о вторжениях южных племен в долину Хуанхэ. Наоборот, вторжения всегда шли с севера и с запада, где люди из гаплогруппы O никогда не жили. Тем не менее, замещение произошло, и его ход сейчас можно проследить по данным палеогенетики. Значит, существовал еще какой-то механизм, помимо вторжений и захвата женщин.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Приветствую информативное (как всегда) и дискуссионное (как часто) сообщение Игоря Львовича. На мой взгляд, высказанные там положения можно подразделить на несколько уровней: (1) факты, расчетные данные, (2) наблюдения, интерпретации, и (3) обобщения, имеющие характер опять же интерпретаций, но более широкого «захвата», и часто базирующихся на определенных допущениях. Это – нормально, так и работает наука. Первый пункт – это золотой фонд науки, и если там не обнаружено ошибок, то эти данные должны укладываться в основу любой гипотезы, теории, последующих интерпретаций. Если они игнорируются, то ценность соответствующих последующих рассуждений стремится к нулю.

Еще из сообщения Игоря Львовича следует довольно очевидный вывод, что в истории существует практически бесконечное множество вариантов развития событий, и шаблонные рассуждения не работают. Не работают и там, где происходит подмена тезиса, а потом провозглашается, что тезис был ложным. Но он был подменен, потому и провозглашение неверно. Цитирую – *«Что касается расселения эрбинов в Европе, то, если попнегетики ничего не напутали с 17-кратным сокращением мужского населения, то мы имеем дело с другой демографической моделью, которую я назвал (не совсем политкорректно) западноафриканской... в наиболее последовательном виде она проявилась в Юго-Восточной Азии, где практически полностью оказались стерты Y-хромосомные линии людей, живших там до прихода земледельцев с севера»*. По стилю здесь вроде как критика, а по сути идет повторение того, о чем я и говорил, многократно в разных работах. Назвать «модель» можно как угодно, сути дела это не меняет.

Начнем с «экспериментальных» данных, тех самых, «золотого фонда науки». Уже давно историки и археологи пришли к выводу о разрушении и гибели «Старой Европы», то есть той, которая существовала до прихода супостата. Здесь не важно, что «супостатом» еще полвека назад называли индоевропейцев (М. Гимбутас), и это «мнение»/«интерпретация» до сих пор волочится в среде историков и археологов, которые некритично усвоили еще в студенчестве, что «курганцы-ямники» якобы ворвались в Европу конными ордами, разрушили Старую Европу и якобы принесли туда индоевропейские языки. Недавно вышли подряд две статьи в Nature (2015), где популяристы как-то увидели слово «индоевропейцы» в костях ископаемых ямников с гаплогруппой R1b. А также увидели там же и направление их будущих миграций на запад, в Европу, и именно потому, что в Европе сейчас много R1b (примерно 60%) и Европа сейчас говорит на ИЕ языках. Так популяристы «делают науку». Но об этом я немало писал и на Переформате, и в книгах. Так что засчитаем за «экспериментальные данные» то, что Старая Европа погибла примерно в III тыс. до н.э. Это не отменяется ошибочными интерпретациями, что погибла она якобы от рук «индоевропейцев».

Второй ряд экспериментальных данных – в том, что из Европы примерно в III тыс. до н.э. пропали целый ряд Y-хромосомных гаплогрупп, в частности, E1b-V13, G2a, I1, I2a, R1a-Z280, R1a-Z93, и они все прошли бутылочное горлышко популяции и возродились на периферии Европы во II-I тыс. до н.э. Говорить о том, что где-то некоторые линии сохранились – это не отменять основное положение. То, что сохранились евреи, в том числе и в Европе, в 1940-х годах, вовсе не отменяет их массового уничтожения там же.

Третий ряд экспериментальных данных – это то, что мужские Y-гаплогруппы упали в численности в 17 раз, при том, что женские мтДНК почти не упали, и тут же пошли в рост. Не надо говорить, что «если не напутали», надо просто взять исходные данные, они опубликованы. Я их подробно рассматривал. Это – данные по ископаемым ДНК.

Четвертый ряд экспериментальных данных – это то, что эрбины, культура колоколовидных кубков (ККК), которая началась примерно 4800 лет назад на Пиренеях, уже 4500 лет назад оставила ископаемые ДНК в Германии, причем R1b-U152, субклад, нисходящий с Пиреней. То есть ККК прошли Западную и Центральную Европу с юго-запада на северо-восток максимум за 300 лет. Видимо, еще быстрее.

Так что противопоставлять (или параллельно рассматривать) как разные «модели», «где практически полностью оказались стертые Y-хромосомные линии людей, живших там до прихода...» не стоит, это ровно то же, что я и написал выше.



«...Попгенетическая модель с Европой все же дала сбой» – я не знаю, о какой «попгенетической» модели здесь речь. Насколько я знаю, никакой модели попенетики не выдвигали. Они просто зафиксировали, что мужское население в те времена практически исчезло, а женское – нет, и быстро стало увеличиваться, как раз в III тыс до н.э.

И это тоже не возражение, как может быть понято – «почти поголовное истребление мужчин неминуемо приведет к полной дезинтеграции подвергнувшегося геноциду народа». Так и получилось, произошла полная дезинтеграция популяций E1b-V13, G2a, I1, I2a, R1a в Европе, кроме тех, кто бежали на периферию Европы и выжили. Те, кто выжили, скорее всего были уже другими народами, они говорили уже на других языках, имели другой образ жизни. Женщины, которые остались в Европе, стали матерями носителей уже другой гаплогруппы, в основном R1b, потому и 60% R1b в нынешней Европе, а в III-II тыс. до н.э. R1b были, наверное, подавляющее большинство. Потому что остальные 40% в значительной степени пришли в Европу позже, после прохождения своего бутылочного горлышка популяции. Позже пришли R1a, позже пришли N1c1 (эти вообще в нашей эре), позже возродились I2a, I1 и прочие. А остальных в центральной и западной Европе почти нет, типа C, F, H, J1, J2, K и прочих. Возможно, они пропали там бесследно, если были (а то, что некоторые были, показывают данные по ископаемым ДНК).

По части аналогии этногенеза народов южной Балтики с «японской» – согласен, хотя, наверное, ничего уникального в этой «модели» нет: сошлись два рода и объединились, образовали содружество. Не всё же убивать друг друга, видимо, повода такого не было. Это только у попенетиков сплошная «ассимиляция», особенно всех других народов злыми славянами. А данных таких вообще нет, есть выдача желаемого за действительное. Откуда такое желание – остается только гадать.

>> Во-первых, не слишком понятно, каким образом можно «технически» уничтожить 94% мужчин в масштабах всего континента, не имея при этом подавляющего перевеса в численности и технологии...

Во-первых, мы не знаем ни в отношении численности, ни в отношении технологии. Мирных людей уничтожить агрессором большого труда не составляет, даже голыми руками, не говоря о дубинках и топорах. В музее Винча нам экскурсовод рассказывал, что никакого оружия у людей не было на протяжении нескольких тысяч лет, никаких фортификаций. Если сведения о полях, усеянных разбитыми черепами вкупе со скелетами (в Скандинавии) верны, вот и свидетельства, как убивали. Но шведские историки тут же сообщают свое мнение, что это были ритуальные убийства. Ни грана доказательств или свидетельств к тому нет, но мнение тем не менее остается. Далее, уничтожали вряд ли большие массы сразу, а по небольшим поселениям – вполне могло быть.

Там мог быть перевес и в численности, и в «технологии», дубина и топор – вот и вся технология. Вообще подобная дискуссия «по понятиям» не есть самая продуктивная, а значит, не стоит такую и начинать.

*>> Таким образом, сравнительно небольшой поначалу перевес эрбинов, который они получили в Центральной Европе в эпоху бронзы, постепенно развился в современные 45% у немцев, а также 25% у чехов и 15% у поляков.*

У немцев 45% R1b оказалось, видимо, только в последние столетия, в результате онемечивания славян гаплогруппы R1a. В Восточной Германии и сейчас только 36% R1b при 24% R1a. А до онемечивания славян гаплогруппы R1a, то есть до перехода последних на немецкие языки, было, видимо, не менее 60-80% R1b, кроме прибывавших «варвар» с востока, наверное, гаплогруппы R1a.

*>> Значит, существовал еще какой-то механизм, помимо вторжений и захвата женщин.*

Механизмов определенно было много, хороших и разных. Впрочем, хороший для одних был плохим для других. Например, конкистадоры и их потомки брезговали южно-американскими индианками, в итоге в Южной Америке у индейцев до 95% «коренной» гаплогруппы Q. А в северной Америке не брезговали, в итоге там сплошная метисация. Модель хороша там, где она обладает предсказательной силой. А то, что между двумя точками можно провести прямую линию, а можно любую загогулину – это не модель, а множество частных вариантов.

*И. Рожанский говорит:*

*>> Насколько я знаю, никакой модели погенетики не выдвигали. Они просто зафиксировали, что мужское население в те времена практически исчезло, а женское – нет, и быстро стало увеличиваться, как раз в III тыс до н.э.*

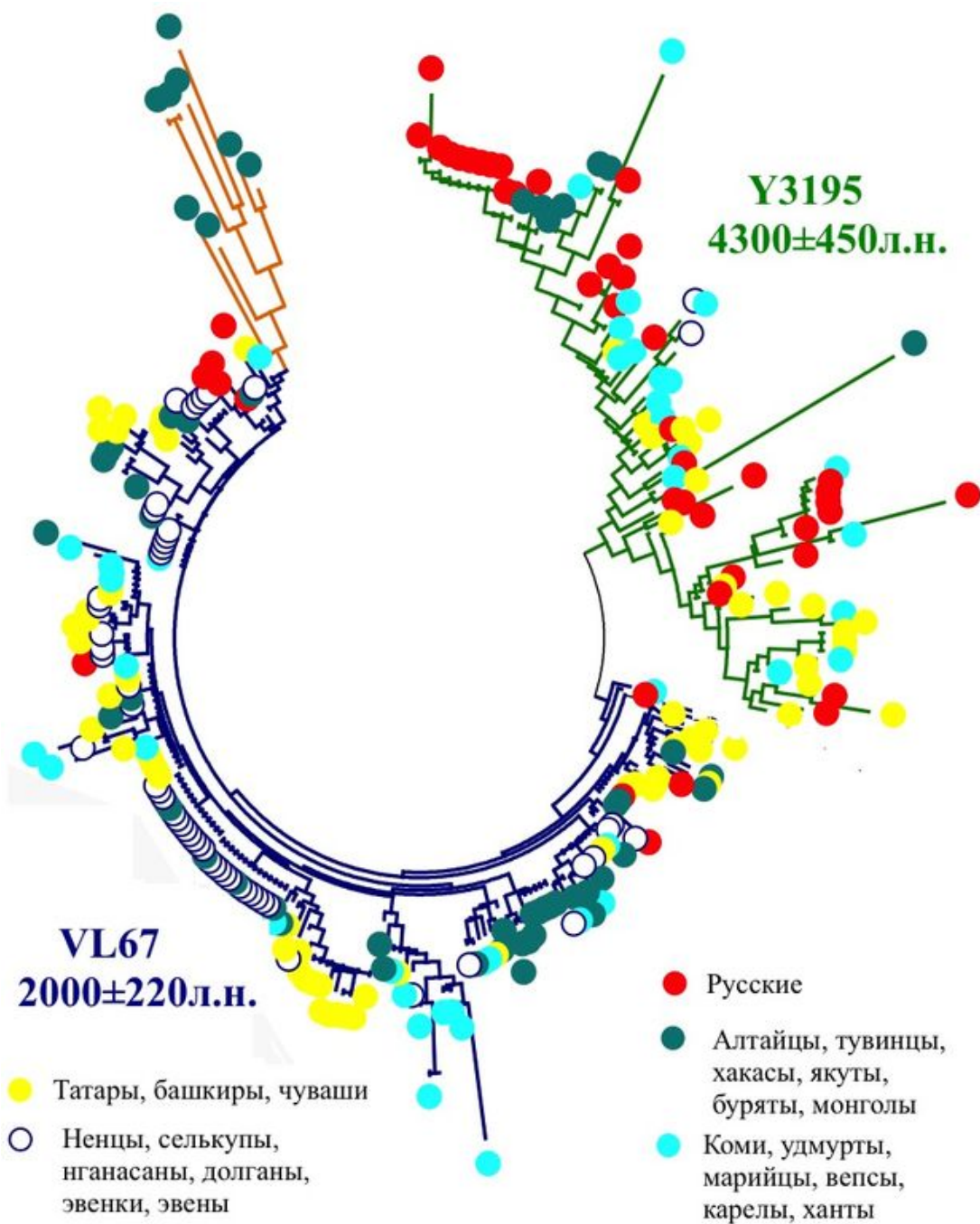
Как они это могли зафиксировать? Зафиксировать могли, например, археологи по соотношению мужских и женских захоронений, либо как-то еще. Я о таких оценках не знаю. По палеодемографии вообще работ очень мало, а те, что есть, отличаются крайней осторожностью в оценках.

17-кратное сокращение мужского населения – это как раз следствие модели, с помощью которой в популяционной генетике вычисляют эффективный размер популяции и ее динамику по современному генетическому разнообразию. Не знаю, как в других случаях (например, оценке того, сколько людей покинуло Африку через Баб-эль-Мандебский пролив), но здесь это откровенный «сферический конь в вакууме». Лучше бы погенетики поинтересовались у этнографов, что случится с обществом, в котором на одного мужчину (от младенцев до

стариков) приходится 17 женщин. Они настолько бездумно воспринимают свои модели, что, видимо, уверены, что если с велосипеда снять одно колесо, то он поедет в 2 раза медленнее.

Так что вопросы по «эрбинскому геноциду» у меня по-прежнему остаются, но давайте подождем, когда появятся более представительные данные палеогенетики.

Пока же хотелось обратить внимание на фразу про появление людей из гаплогруппы N1c1 в Европе: «на пути из Южной Сибири через северный Урал и далее до Балтийского моря». Очевидно, она взята из Eupedia либо другого подобного ресурса, где появилась, в свою очередь, благодаря ранним работам популяционных генетиков. А у них логика тогда была простая – где кого-то много, значит, оттуда и шли. Если на картах плотности гаплогруппа N «зашкаливает» за Полярным кругом, стало быть, пришли в Европу из тундры. В реальности все оказывается с точностью до наоборот. На Северном Урале, и вообще в зоне тундры, гаплогруппа N1c1 – большая редкость. У самодийских народов представлена почти исключительно родственная гаплогруппа N1c2-P43, разошедшаяся с N1c1-M231 около 14000 лет назад. Вот ее дерево, составленное по полевой выборке из недавней работы эстонских популяционных генетиков:



На нем хорошо видно, что все северные народы собрались в молодой ветви VL67, которая распространена на Алтае, а также рассеяна во всем ареале тюркских народов, вплоть до Турции и Азербайджана. Отсюда следует, что еще в начале нашей эры предки будущих ненцев и нганасан по мужской линии жили на Алтае или в Саянах, где еще в XVIII веке были в ходу ныне вымершие южные самодийские языки, и на Северном Урале появились уже к «шапочному разбору». По соседству с ними более компактный ареал занимает более старая ветвь Y3195, довольно

характерная для коми и удмуртов, чуть менее – для татар и марийцев. Там же, и несколько южнее – ветвь N1c1-Y9022, также находящаяся в весьма отдаленной степени родства (около 7000 лет до общего предка) с европейскими ветвями из субклада L1026. Среди коренных народов Урала последний встречается очень редко, и его ареал смещен к западу.

Нет никаких свидетельств, что предки будущих финнов и балтов из N1c1-L1026 когда-либо шли северным путем. В финском эпосе «Калевала», с его мрачными описаниями северных стран и прославлением труда земледельцев, говорится, по сути, о том же самом. Достаточно послушать симфоническую поэму Я. Сибелиуса «Лебедь Туонела», чтобы убедиться, что никаких ностальгических чувств по якобы покинутой «северной родине» финны не испытывали. Не были их предки северным народом. Широко растиражированный «полярный маршрут» – это родной брат давно уже отвергнутой балканской родины гаплогруппы I2.

*Парфений* говорит:

Анатолий Алексеевич, спасибо за статью! Можно вопрос по поводу “взаимоотношений” R1b и R1a? С момента высказывания Вами своей теории (о том, что “эрбины”-неиндоевропейцы перебили носителей R1a в Европе) не появилось ли каких-нибудь новых данных о причине перехода носителей R1b на индоевропейские языки, культуру (родство языческих религий ариев и кельтов-германцев давно известно)?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> ...не появилось ли каких-нибудь новых данных о причине перехода носителей R1b на индоевропейские языки, культуру...

А откуда они могут появиться? Историки и лингвисты об R1b ничего не знают, а кто слышали – пугаются, что им надо что-то новое осваивать. А «у него жена, дети, Серна, дети от Серны и еще от одной женщины, которая живет в Ростове-на-Дону», зарплата нищенская, какие там R1b, или, упаси Боже, R1a? Максимум – это грант на тему «К вопросу о...», и далее, что уже сто лет в зубах навязло. Взгляните последний (декабрьский) Вестник Академии ДНК-генеалогии, там такая «К вопросу о...» подробно разобрана.

Мало того то, что R1b в Европе и ее история историкам и лингвистам неизвестна, и они и знать не хотят (за редким исключением – В.И. Меркулов, Л.П. Грот, М.Н. Афанасьев), они вообще не знают, откуда в Европе появились индоевропейские языки («прародину» уже 200 лет ищут, пока не нашли, не понимая, что нет у языков «прародины»). Французские лингвисты пишут, что этим (появление ИЕ в Европе) практически никто не занимается, потому что непонятно, за какой

кончик ниточки тянуть. Другие (французские же лингвисты) полагают (точнее, постулируют), что ИЕ языки пошли с Пиреней вместе с культурой колоколовидных кубков, аж 4500 лет назад, но как они туда попали – не говорят. Вместо этого дают многостраничные опусы с массой допущений и постулатов, жонглированием пра-ИЕ слов, лексем, морфем, но никаких альтернативных вариантов не обсуждают.

Я уже как-то писал, что поднял этот вопрос на филологическом факультете МГУ, на кафедре германской и кельтской филологии, где проводил семинар по ДНК-генеалогии. Но это оказался не их вопрос, и ДНК-генеалогия их заинтересовала в целом, но не в отношении кельтов и иберов. На мое недоумение – почему, вы же этим занимаетесь, мне было отвечено, что в те древние времена письменности у них не было, поэтому и вопрос отпадает. Им нужны опять же лексем, морфемы и прочее, а история народов – это опять же интересно, но не их вопрос. А значит, интересно не очень. А если честно – то вообще неинтересно.

Так что сухой остаток: «причины перехода» – это комплексный вопрос, которым должны заниматься историки, экономисты и прочие специалисты. Я могу только высказывать свою точку зрения, и ее уже высказывал и здесь и в книгах. Суть ее в том, что переход на другой язык диктуется не штыками, как некоторые думают. Причины там в первую очередь экономические. Переходят на чужой язык тогда, когда видят в том улучшение жизни своей и в первую очередь детей. Почему союзные республики активно переходили на русский язык? Что, их штыками пугали? Нет, не потому они посылали своих детей учиться в Москву, Ленинград и другие крупные и прочие города. А чтобы дети не становились чабанами. Так и получилось – вся интеллигенция, весь средний класс республик СССР свободно говорили на русском языке. Я читаю лекции в Академии наук Грузии – просят читать на русском языке, причем сейчас, через 25 лет после распада СССР. Весь состав Академии говорит на русском языке. Все учились в русских ВУЗах, многие работали там же. И дети их говорят по-русски. Вот что-то подобное было с кельтами, язык которых был исходно индоевропейский. И на него перешли эрбины и их потомки. Видимо, было модно, престижно, экономически выгодно. Если кто считает по-другому, пусть доказывают.

*>> родство языческих религий ариев и кельтов-германцев давно известно...*

Это – не совсем корректное высказывание. В какие времена? Кто такие «кельты-германцы»? «Кельтов-германцев» уже в нашей эре? Или во времена ариев? Так и сейчас в славянской среде можно найти отголоски «языческих религий ариев», имена их богов, и прочие сходства. Свастика известна и среди славян, еще относительно недавно. И по всей Европе. Это как, «родство языческих религий»? Опять предлагаю – сначала

формулируйте историческую загадку, а потом на нее отвечайте, приводя данные.

*мирослав* говорит:

Анатолий Алексеевич, спасибо за Вашу работу! Очень надо бы знать, кто такие трипольцы, откуда пришли и куда делись? Если можно осветить этот вопрос. Спасибо!

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Читайте первую статью в данной серии.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *Насколько я знаю, никакой модели популяционной генетики не выдвигали. Они просто зафиксировали, что мужское население в те времена практически исчезло, а женское – нет, и быстро стало увеличиваться, как раз в III тыс до н.э.*

>> *Как они это могли зафиксировать? Зафиксировать могли, например, археологи по соотношению мужских и женских захоронений, либо как-то еще.*

Так и было. Это – статья в Science, в которой приводится диаграмма ископаемых гаплогрупп по тысячелетиям. Я сейчас в отъезде, поэтому статьи под рукой нет, по-моему, 2014 года. Но статей о «коллапсе неолитических популяций в Европе» немало, начиная с 2011 года. Это статьи Crubezu, это статья Shennan и др. (Nature Communications, 2013), в названии которой есть и слово «коллапс популяций», при изучении динамики ископаемых ДНК в Европе между 8000 и 4000 лет назад. Это статья Brotherton и др. (Nature Communications, 2013), в которой они пишут о появлении женской мтДНК, гаплогруппа Н, в неолитической Европе, with substantial genetic contributions from subsequent pan-European cultures such as the Bell Beakers expanding out of Iberia in the Late Neolithic (~2800 BC), то есть «с существенным генетическим вкладом от доминирующих европейских культур, как культуры колоколовидных кубков, распространяющихся от Иберии в позднем неолите (~4800 лет назад)». Поэтому можно не заикливаться на 17-кратном уменьшении мужской популяции, понятно, что это расчеты. Пусть будет 15-кратное, 20-кратное или 50-кратное, конкретные числа здесь не так важны. Важно то, что мужские гаплогруппы из Европы в основном исчезли, кроме R1b, которые стали быстро расти в численности и доле. Я ведь приводил четыре линии свидетельств в предыдущем сообщении, но вниманию удостоилось только «моделирование популяционной генетики».

Комментарий же «...что случится с обществом, в котором на одного мужчину (от младенцев до стариков) приходится 17 женщин» – вообще недоразумение. У меня об этом и слова не было. А было, если сохранять

стиль «критики», что на 17 женщин стало приходиться 20 эрбинов. И что тогда случится с обществом? А то и случится, что их мтДНК быстро приумножатся, что и наблюдалось при изучении ископаемых ДНК. Плюс сопутствующие эрбинам мтДНК = Н тоже пойдут вверх, что и было обнаружено исследователями.

Вообще у нас дискуссия опять приобретает, как нередко бывает, несколько сюрреалистический характер. В науке не приветствуется неконструктивная критика, типа и это у вас не так, и это не эдак. Не нравится – давайте свои гипотезы, обоснования, подключайте новые данные для лучшего обоснования. А у нас наоборот – и носители гаплогруппы N через северный Урал не шли, и мужские гаплогруппы из Европы не пропадали, и I2 (у меня всегда I2a) на Балканах не пошла в рост после прохождения бутылочного горлышка... И нигде – своего объяснения. Хорошо, пусть прошли к Балтике не через северный Урал, а через средний Урал, изменит это хоть что-то в данном контексте?

То же и здесь – *«давно уже отвергнутой балканской родины гаплогруппы I2»*. Не стоит передергивать, никто про «родину» I2 там не говорит, I2 образовалась около 30 тысяч лет назад, и никто не знает, где. Никто Балканы в качестве «родины» I2 не предлагал, насколько знаю. А вот возрождение гаплогруппы I2a в виде субкладов в Восточной Европе произошло на Балканах, на Дунае, на Карпатах – выбирайте сами, они все пересекаются, а точных данных все равно ни у кого нет. Если у Вас есть – их приведение, с обоснованиями, только приветствуется. Но там непросто – в Восточной Европе у I2a-10228 есть четыре нисходящих субклада – S17250, A2512, Y4460 и Z17855, каждый образовался примерно 2300 лет назад, определено как по снипам, так и по мутациям в гаплотипах, а четкое их региональное отнесение этих снипов провести пока нельзя, данных мало.

Наука развивается давно отработанным образом – в ходе накопления экспериментальных данных выдвигаются гипотезы и теории, но накопление данных продолжается, и гипотезы с теориями обыкновенно модифицируются, уточняются, но непременно обоснованно, с предъявлением новых данных. Вот это хотелось бы видеть здесь. А не «это не так, и то не эдак». То, что *«в начале нашей эры предки будущих венцев и нганасан по мужской линии жили на Алтае или в Саянах»* – это замечательно, кому-то определенно пригодится, но к тому, что я писал, не имеет ни малейшего отношения. То, что *«все северные народы собрались в молодой ветви VL67»*, которая образовалась в начале нашей эры – тоже замечательно, но никакого отношения к миграциям N1c1 не имеет. Допустим (а другого варианта у нас нет), что они шли через территорию Пермского края, оттуда и язык финно-угорский, он же финно-пермский. Читаем сведения из географии – «Пермский край расположен на...западных склонах Среднего и Северного Урала». Вот и северный



Урал появился. В чем проблема-то? Не надо про «тундру» придумывать, нигде у меня этого не было.

Мораль проста – дискуссию надо вести конструктивно. Если есть данные, противоречащие предлагаемому положению – их надо приводить, и положение модифицировать. А «аргументы» типа «достаточно послушать симфоническую поэму Я. Сибелиуса «Лебедь Туонела», чтобы убедиться, что никаких ностальгических чувств по якобы покинутой «северной родине» финны не испытывали» – могут вызвать только пожатие плечами. Финны и сейчас на севере живут, вплоть до Арктики, что им ностальгия по северу...

И. Рожанский говорит:

>> Важно то, что мужские гаплогруппы из Европы в основном исчезли, кроме R1b...

Когда они исчезли? Статистика по ископаемой митохондриальной ДНК, действительно, уже достаточно весомая, а вот что мы имеем по ископаемой Y-ДНК энеолита и бронзы в Европе. Гаплотипы из разных публикаций рассортированы по регионам, что пока исследованы. Это Испания, север Италии, Центральная Европа от юга Швеции до Венгрии и Самарская область России.

Энеолит, до первых находок ископаемой ДНК из культуры колоколовидных кубков, между 6000 и 4600 лет назад  
Испания: I2a2 – 3, G2a -2, I2a1, I, H2 – по одному образцу,  
Италия: I2a1 -2, G2a – 1 (последний – это знаменитый Отци),  
Центр. Европа: R1a -5, R1b – 2, I2a2, P1, CT – по одному,  
Самара: R1b – 12, I2a2 -1 (ямная культура).

Ранняя бронза, после появления ККК в Центральной Европе, между 4600 и 4000 лет назад.

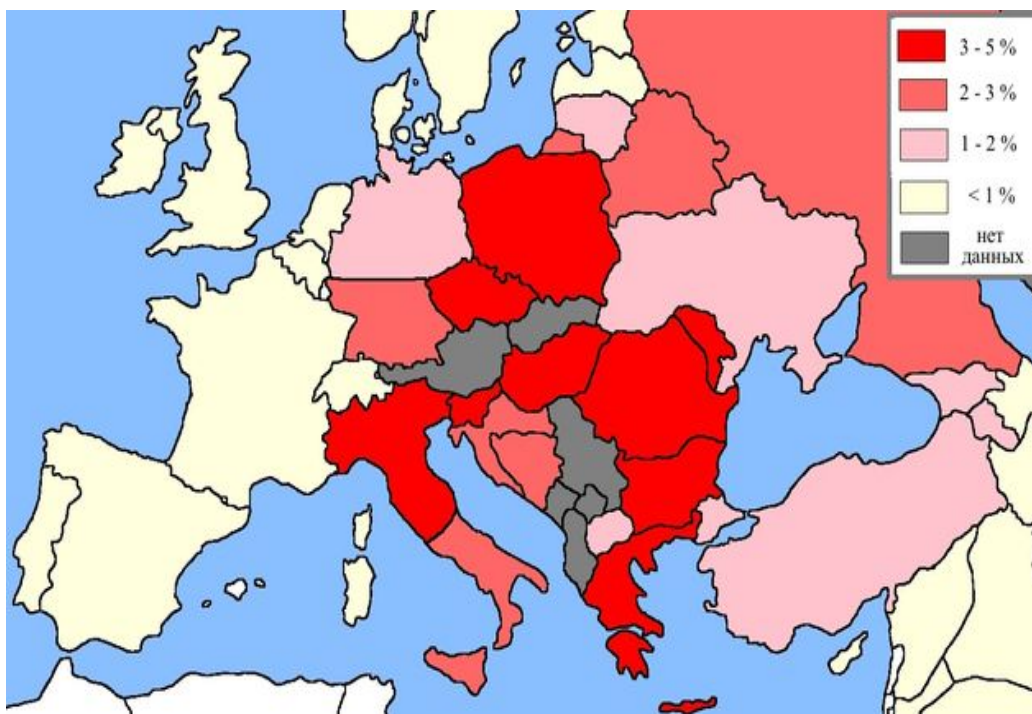
Испания: I2a2 – 1 образец,  
Италия: нет образцов,  
Центр. Европа: R1b -9, R1a – 7, R1, P1 – по одному.  
Самара: R1b – 4, R1a, P1 – по одному (полтавкинская культура).

Средняя и поздняя бронза, между 4000 и 3000 лет назад  
Испания: нет образцов,  
Италия: I2a1 – 1 образец,  
Центр. Европа: R1b -5, I2a2 – 4, I – 3, R1a – 2, G2a, I1, I2a1, J2a, K – по одному.  
Самара: R1a – 7 (срубная культура).

Все R1a из Центральной Европы ранней бронзы и 4 из 5-ти времен энеолита принадлежат людям из культуры шнуровой керамики/боевых топоров. К ней же были отнесены оба носителя R1b из времен энеолита. Все R1b ранней бронзы – из ККК. За исключением, очевидно, «недотипированных» из-за низкого покрытия R1 и P1, о других гаплогруппах времен ранней бронзы с территории Германии, Дании и Венгрии данных пока нет. Мирно общались между собой «бикеры» и «кориды» или вели войну на уничтожение, мы не знаем, но имеем объективный факт – они жили бок о бок в одном и том же месте, как минимум, в течение нескольких столетий.

Из статистики хорошо видно, что данные изобилуют лакунами, но каким образом из чрезвычайно пестрого набора гаплогрупп в Центральной Европе бронзового века можно сделать вывод об их исчезновении на рубеже энеолита и бронзы, да еще считать это доказанным фактом, не очень понятно. Собственно, по этой причине я и предложил отложить дискуссию до появления более полных данных по ископаемой Y-ДНК.

Пока же лично я вижу только исчезновение R1b-Z2103 с территории Самарской области и замену на R1a-Z93, что согласуется и с данными археологии. Первые представляли ямную культуру, вторые – срубную, каждая со своим похоронным обрядом. Впрочем, потомки «ямников» нигде не исчезли, просто растворились среди других народов. Среди каких именно, можно составить представление по карте, где отмечена доля людей из субклада R1b-Z2103>Z2106 от общего мужского населения стран и регионов Европы. При ее составлении автор этих строк использовал как полевые, так и «коммерческие» выборки с географических ДНК-проектов.



Параллельные Z2106, и также восходящие к “ямному” субкладу Z2103 ветви L277 и L584 имеют более компактную географию. Это в основном Армянское нагорье, Малая Азия и западная часть Ирана.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Рад продолжению дискуссии. Только приведенные данные вызывают неудовлетворение. Там целая серия сомнений в приведенных данных и их достоверности.

Итак, по первой части. Сразу был поставлен вопрос – «куда они исчезли?». Да в землю исчезли, остальные бежали. А раз они в землю исчезли, то вряд ли можно отделить, кто своей смертью, а кого убили. Поэтому сами по себе цифры найденных скелетов далеко не всегда говорят об их судьбе. Цитата – *«Мирно общались между собой «бикеры» и «кордиды» или вели войну на уничтожение, мы не знаем, но имеем объективный факт – они жили бок о бок в одном и том же месте, как минимум, в течение нескольких столетий»*. Первая часть верна – мы не знаем. Вторая, что они жили бок о бок в одном и том же месте – неинформативна. Представьте, что нашли археологи будущего скелеты немцев и русских (русских это здесь обобщение, на самом деле, и кавказцев, среднеазиатов, прибалтов, евреев...) по Русской равнине (или под Москвой, Сталинградом, Ржевом, Курском, Оршей, Ельцом...), и записали, что *«имеем объективный факт – они жили бок о бок в одном и том же месте»*.

Следующее неудовлетворение – приведенные данные по гаплогруппам далеко неполны, куда делись гроздь носителей гаплогрупп G2a и I (данные Lacaп и др.), найденные во Франции и северной Испании? А там (по памяти) одних G2a было двадцать скелетов. Где они в списке? Это же как раз 5000 лет назад, то есть до прихода эрбинов. А потом они исчезли, да и сейчас их в Европе мало, на уровне 3-5%, да и то после прохождения бутылочного горлышка примерно 3500 лет назад.

Следующее неудовлетворение – почему проигнорированы статьи, в которых говорится о «коллапсе неолитических популяций»? Отнесения к некоторым (не всем) я давал в предыдущих комментариях. А посмотреть на приведенный список – никакого коллапса, тишь была да благодать. Только почему-то популяции проходили бутылочные горлышки в ходе этой тиши да благодати, и возрождались только через сотни и тысячи лет.

Вывод простой – конечно, хорошо ждть «появления более полных данных по ископаемой Y-ДНК», только этих данных недостаточно по описанной выше причине. Надо и на бутылочные горлышки популяций смотреть, иначе говоря – на данные ДНК-генеалогии. Похоже, порой они как-то отодвигаются, и картина становится одномерной. Посчитали число ископаемых гаплогрупп, и все дела. Нет, не все.

Теперь о красочной картинке по доле субклада R1b-Z2103>Z2106, который показан как доля от 3-5% до менее 1% от всех. Но это может легко ввести в заблуждение. Нужны данные не от всех, а доля от R1b. И тогда сразу будет видно, что в ряде показанных регионов доля R1b до 60% (а то и выше), а доля Z2103 в 20-100 раз ниже. И вот это показательно – откуда же остальные 95-99% (и более) R1b пришли? И окажется, что в основном (или полностью) с Пиренейского полуострова. Картина сразу поворачивается другой стороной, а именно, что пришельцами со стороны ямной культуры можно практически пренебречь.

Вывод опять же простой – надо ставить вопрос и на него отвечать. Причем отвечать не формальным показом цифр, а комплексным рассмотрением, понимая, что формальный показ цифр может легко ввести в заблуждение.

Но закончу позитивно – «...восходящие к “ямному” субкладу Z2103 ветви L277 и L584 имеют более компактную географию. Это в основном Армянское нагорье, Малая Азия и западная часть Ирана». Согласен. Вот это и есть ответ на поставленный вопрос – куда делись ямники. Не «растворились среди других народов», а передвинулись, ушли, мигрировали. Ямники, как и рукописи, не горят. Как и многие древние племена.

И. Рожанский говорит:

>> *Сразу был поставлен вопрос – «КУДА они исчезли?»*

Вопрос был другой, и намного более конкретный – КОГДА они исчезли? Последующая подборка данных имела целью дать первичную информацию для ответа на него. Если перепутать слова «когда» и «куда», то становится непонятно, зачем вообще приводить статистику, что заведомо не даст никаких зацепок.

>> *куда делись гродзья носителей гаплогрупп G2a и I (данные Ласап и др.), найденные во Франции и северной Испании?*

Прочтите внимательнее вводную информацию к списку. Там написано «вот что мы имеем по ископаемой Y-ДНК энеолита и бронзы в Европе». Неолит, равно как другие эпохи и регионы (например, Урал), вынесены здесь за скобки, поскольку по времени и расстояниям далеко отстоят от интересующих нас событий. Если нас интересует прогноз на завтра, то информация о грозе, случившейся неделю назад, только вносит путаницу. Что касается «гроздей» одинаковых гаплотипов из одного захоронения, то, строго говоря, их следовало бы засчитывать как один, во избежание перекоса и без того «перекошенных» данных. Именно так я поступил с находкой в Лихтенштейнской пещере, засчитав ее как один гаплотип R1a и один I2a2.

>> *почему проигнорированы статьи, в которых говорится о «коллапсе неолитических популяций»...*

Потому что «коллапс» – это всего лишь броское слово, если оно не подтверждено реальными демографическими оценками. К популяционным моделям с эффективными размерами популяций (по-другому, кажется, пока считать не научились), честно говоря, у меня отношение настороженное после конфуза с «эволюционными скоростями мутаций». Какие параметры и допущения в модель вносят, то на выходе и получают. Кстати, в английском слово collapse намного менее экспрессивно, чем в русском. Правильнее его перевести как «падение, обрушение».

>> *А посмотреть на приведенный список – никакого коллапса, тишь была да благодать.*

Про «тишь и благодать» я не говорил ни слова. Более того, еще в обсуждении статей о шумерах приводил данные, в том числе демографические, о тяжелейшем кризисе на Ближнем Востоке и в Закавказье, что по времени точно совпало с массовыми бутылочными горлышками в Европе. Есть еще один источник, что косвенно говорит об аналогичном кризисе уже в Восточной Европе. В монографии Д. Энтони «The Horse, the Wheel and Language» есть хорошая подборка таблиц с датировками культур из евразийских степей. Так вот на территории

причерноморских степей и Северного Кавказа не раскопано ни одного захоронения с датировкой между 4100 и 3900 годами назад. Есть до, есть после, есть восточнее (Синашта), а тут провал. Что именно там случилось, мы не знаем (никто записей не вел, как в Аккаде или Египте), но пострадали, очевидно, все. А потом вступает в действие механизм, как после лесного пожара. Более организованные и приспособленные начинают свой рост сразу, кто-то с опозданием (но наверстывает потом), а кому-то так и не удается восстановиться, и их линии плавно затухают. Статистика, что мы имеем по ископаемой ДНК в Центральной Европе, идеально укладывается как в модель «лесного пожара», так и в датировки основных генеалогических линий региона. К слову, некоторые линии Старой Европы прошли этот кризис вообще без явных бутылочных горлышек. Например, G2a-L497 (до 5% у итальянцев и швейцарцев, в Восточной Европе отсутствует) и I2a2a-M223 (6-7% у англичан и голландцев).

>> Нужны данные не от всех, а доля от R1b.

Эти данные уже почти год как опубликованы на сайте Академии [в разделе «Гаплогарты»](#). Желтые сектора на круговых диаграммах дают сводную статистику по нескольким субкладам, но в Европе это почти целиком Z2106, как и на карте из предыдущего комментария. Только на юге Италии к ним добавляются другие ветви. В Грузии и Армении преобладают L277 и L584, а у евреев основной вклад в желтый сектор вносят PF7562 (L23-, DYS426=11) и V88. Картина получается та же самая. Статистика по всем гаплогруппам показалась мне более наглядной, потому что, скажем, большая доля Z2103 на фоне очень малого процента R1b в целом может дезориентировать.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Полагаю, что дискуссия в текущем ключе себя исчерпала, и продолжать ее в том же ключе большого смысла не имеет. Она перешла в плоскость мнений, а эта плоскость бесконечна. С рядом мнений я несогласен, например, что обнаружение в захоронении большого количества носителей G2a (с датировкой 5000 лет назад) надо игнорировать, или принимать за одного носителя. И при этом спрашивать «когда они исчезли?» Да после этого и исчезли, потому что G2a до 5000 лет назад была одна из наиболее распространенных гаплогрупп в центральной Европе, а сейчас одна из наиболее редких. «Перекоп данных» – это из другой оперы. Мы же здесь не время жизни общего предка считаем, что опасаемся «перекопа», а видим, что носителей G2a еще 5000 лет назад было в Европе множество. Какой «перекоп»? Может, мы и 20 миллионов погибших в СССР в 1941-1945 гг. будем за одного считать, чтобы не было «перекопа»? Дело не в перекопе с G2a, а в том, что их было много, а осталось мало. И произвольно проводить линию отсчета, чтобы этот факт затушевать, делу не поможет.

Да, я действительно при беглом чтении вместо «когда» прочитал «куда». На самом деле ответы на оба вопроса несложные, на второй я ответил ранее, а на первый отвечал много раз – целый ряд европейских гаплогрупп исчезли из Европы после 4800-4500 лет назад, тогда же, когда исчезла трипольская культура, когда носители культуры колоколовидных кубков заселяли Европу, поскольку они уже 4300 лет назад были на территории современной Германии и найдены там в захоронениях, и тогда, когда погибла «Старая Европа». Через несколько столетий, а в случае I2a в Восточной Европе и через две тысячи лет, пропавшие гаплогруппы выходили из бутылочного горлышка. Коллапс есть коллапс, «падение» это или «обрушение».

В любом случае, я интерпретирую исчезновение (или резкое уменьшение и перемещение оставшихся на периферию Европы) целого ряда гаплогрупп между 4800-4500 лет назад, и продолжающееся до, видимо, 4000-3500 лет назад как результат экспансии эрбинов в центральной и западной Европе. К этому примыкает и датировка битвы при Толлензе 3200 лет назад, видимо, как продолжение этой экспансии носителей R1b в Европе. Понятно, что это мои интерпретации и мнения, но они основаны на фактах, данных, наблюдениях. Оспаривать мнения, выдвигая другие мнения, бесполезно и непродуктивно. Есть один путь – приводить другие факты, данные и наблюдения, и формулировать свою гипотезу или теорию. К этому и призываю. Если новая гипотеза-теория окажется более верной, то другая просто сама отомрет. Это – нормальный путь развития науки.

*И. Рожанский* говорит:

Если объявлять неконструктивными такие объективные факты, как статистику по ископаемой Y-ДНК в Европе бронзового века или вполне весомую долю R1b-Z2103 в Восточной Европе (до 5% у поляков и чехов), то дискуссию, действительно, не имеет смысла продолжать. Прежде, чем поставить в ней точку со своей стороны, изложу кратко свою трактовку, которую отстаиваю не первый год, и в пользу которой набирается все больше и больше фактов.

Нет никаких подтверждений, что высокая доля R1b в Западной Европе – это следствие быстрого и поголовного (в отношении мужчин) истребления ее прежнего населения вторгшимися из Испании эрбинами. Есть только интерпретации, в том числе с аргументами эмоционального плана (убийство Отци в Альпах и семьи из Эйлау с интервалом в 600 лет, причем в обоих случаях убийцы не найдены). С другой стороны, есть сведения из различных дисциплин, в том числе палеографических источников, о тяжелейшем демографическом и социальном кризисе, охватившем всю Западную Евразию и Северную Африку на рубеже III и II тысячелетий до н.э. Он был, очевидно, вызван засухой, длившейся почти 100 лет, и перенаселенностью, создавшейся за

предшествовавшее благополучное тысячелетие. Например, плотность населения в Закавказье в годы расцвета Куро-Аракской культуры была сопоставима с той, что была там достигнута только в позднем Средневековье.

Отсюда следует, что рост насилия в Европе, если его пик, действительно, приходится на время кризиса, это не причина, а следствие обрушения существовавших до того социальных структур Старой Европы. Точно так же всплеск насилия в России в “лихие девяностые” был вызван распадом прежней системы, и это вовсе не означает, что Советский Союз был повержен горсткой “братков” и террористов. Как именно протекал кризис в Европе (голод? эпидемии? переселения?), пока не вполне ясно из-за отсутствия источников, сопоставимых по информативности с ближневосточными. Однако из данных древней и современной ДНК видно, что кризис порастил все сообщества, населявшие тогда Европу, в том числе и те, что появились там незадолго до него. В этом плане данные по Испании времен энеолита задают головоломку, потому что там пока не нашли ни одного R1b. Разумеется, их рано или поздно найдут, но с какими датировками и в каких соотношениях с другими гаплогруппами, вряд ли можно сейчас уверенно говорить. Диспропорции в распределении гаплогрупп начинаются только на этапе медленного роста населения Европы в эпоху бронзы и раннего железа. Так что, вопрос “когда” здесь не риторический: а принципиальный. Как мы видим из статистики, гаплогруппы I2a1 и I2a2 еще не были тогда такой экзотикой, как в настоящее время. Их судьбу можно сравнить с деревом, у которого подрубили корни. Оно еще долго продолжает зеленеть и даже временами давать новые побеги, но постепенно засыхает, не выдерживая конкуренции с более молодыми и жизнеспособными собратьями. Почему в Западной Европе этими собратьями оказались эрбины, можно придумать массу причин, среди которых беспримерная кровожадность находится далеко не на первом месте. Может быть, их спас обычай пить пиво из своих знаменитых кубков, что уберег от эпидемий, поражавших другие народы, незнакомые с бактерицидными свойствами этого напитка? Древний мир вообще был очень жестоким, безотносительно к гаплогруппам. Даже на островах Полинезии, что кажутся заезжому туристу земным раем, люди вполне конкретно разбивали друг другу головы дубинками и готовили жаркое из тел побежденных.

В пользу предложенной модели с постепенным вымыванием старых линий после всеобщего демографического кризиса, помимо статистики, работает то, что для нее не нужно вводить две дополнительные сущности – о бегстве R1a из Европы и последующем триумфальном возвращении. Судя по филогении скандинавских и северо-западных ветвей и находок палео-ДНК из Германии и Швеции эпохи бронзы, они продолжали там жить по-прежнему. То же самое касается повсеместного



перехода эрбинов на кельтские, италийские и германские языки. Если это произошло еще на начальном этапе выхода из кризиса (я предполагаю, что во время существования полиэтнической культуры полей погребальных урн), когда все были в примерно равном положении, то не нужно для этого убеждать лингвистов примерами из жизни таджикской интеллигенции.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Как и ожидалось, «дискуссия» продолжается в плоскости мнений и игры в слова. Это огорчает, и впустую забирает время.

*>> Если объявлять неконструктивными такие объективные факты, как статистику по ископаемой Y-ДНК в Европе бронзового века...*

Речь была не о «неконструктивности», а о том, что факты надо приводить именно объективно, не вычеркивая то, что мешает. Если объективно, то надо приводить то большое количество ископаемых G2a, что было найдено, не принимая двадцать образцов за один. Не надо про «перекос», надо приводить то, что есть. И не надо отсекал образцы с датировкой 5000 лет назад, проводя искусственную границу чуть позже. Как и предполагал, «дискуссия» действительно становится сказкой про белого бычка, потому что приходится повторять то, что уже приводил раньше, но что игнорируется.

Проигнорированы и все приведенные данные про датировки выхода из бутылочного горлышка популяции для европейских гаплогрупп (кроме R1b), как будто их нет, или они ничего не означают. А там датировки для основных субкладов R1b в Европе самые древние. Почему-то для I2a, I1, E1b-V13 линии «вымылись», а для R1b – нет. И объяснять это тем, что R1b пили пиво, а остальные были трезвенниками и язвенниками – это как-то...

Проигнорирован и довод, который приводился ранее – если в Европе была засуха, мор и прочие напасти, то по какой-то волшебной причине эти напасти пощадили как эрбинов, так и европейских женщин. Фантазии про волшебные кубки с пивом, которые спасли эрбинов (и, видимо, европейских женщин) это что, факты? Наверное, у них был и ковер-самолет, и скатерть-самобранка, и сапоги-скороходы, но это опять же не факты, а фантазии-сказки. Я же призывал именно к фактам, а не к рассказам про дерево, у которого подпилили корни. Подобные аналогии можно приводить в любых ситуациях, ими можно объяснить что угодно. Например, скандинавы на Руси пиво не пили, вот и вымылись их линии. Было их видимо-невидимо, и вот вымылись. Или корни им подпилили, тоже хорошее объяснение. Или пиво пили, но много, вот и вымылись корни, в буквальном смысле.

Когда приводятся сведения про 5% R1b-Z2103 у поляков и чехов, то надо бы писать, от чего 5%, об этом я уже писал ранее. Если 5% от доли R1b, которой у поляков в целом всего 12.5%, то это 0.6% от всех поляков, что на уровне туристов. Особенно учитывая, что Польша была в составе Российской империи, а у русских Z2103 – основная среди R1b. Да и 6% Z2103 среди поляков весьма сомнительна, если не принимать все M269 за якобы Z2103, а поскольку M269 обычно недотипирована, там может быть что угодно. В проекте FTDNA по древним R1b под рубрикой Z2103 часто стоит L150, и указано, что Z2103 «predicted» (предсказано), и что это нужно проверить прямым типированием. Так что в таком ключе, цитирую, «дискуссию, действительно, не имеет смысла продолжать». Я в ранней статье приводил все те Z2103 численно, по странам и регионам, и их было минимальное количество, кроме выброса в Болгарии, которая долгое время находилась под турками, а у турок Z2103 – действительно один из основных субкладов.

Представленную Вами трактовку, уважаемый Игорь Львович, я, разумеется, принимаю, почему нет? Пусть будет для разнообразия. У меня никогда не было склонности нападать на другие трактовки, если только они не противоречат прямым экспериментальным данным. Ваша – одна из умозрительных, пусть живет, будущее покажет.

*И. Рожанский* говорит:

*>> Когда приводятся сведения про 5% R1b-Z2103 у поляков и чехов, то надо бы писать, от чего 5%, об этом я уже писал ранее...*

Мне казалось, что я дал исчерпывающий ответ, указав ссылку на гаплогарту со статистикой R1b. Повторяю.

[Статистика в графической форме](#)

[Статистика в табличной форме, с большей детализацией](#)

Чехов, греков, румын и болгар считал отдельно по полевым выборкам. Всех поляков из Z2103 можно найти в IRAKAZ-2016 и лично удостовериться, что там нет никаких натяжек.

*Дмитрий Логинов* говорит:

*>> Историки и лингвисты об R1b ничего не знают, а кто слышали – пугаются, что им надо что-то новое осваивать. А «у него жена, дети, Серна, дети от Серны и еще от одной женщины, которая живет в Ростове-на-Дону», зарплата нищенская, какие там R1b, или, упаси Боже, R1a? Максимум – это грант на тему «К вопросу о...», и далее, что уже сто лет в зубах навязло. Взгляните*

*последний (декабрьский) Вестник Академии ДНК-генеалогии, там такая «К вопросу о...» подробно разобрана...*

Поскольку отсылки к формулировкам вроде «К вопросу о...» и т.д. – это камень, прежде всего, в мой огород, считаю себя обязанным ответить. Во-первых, сегодня узнал о написанном Вами подробном разборе моей статьи из последнего номера “Исторического формата” и внимательно прочитал. Во-вторых, спасибо за критику. Это без иронии или сарказма. Отрицательный отзыв, по-моему, лучше, чем никакой отзыв. Критика вдумчивому автору открывает направления дальнейшего движения. В-третьих, полагаю, что у меня будет возможность для развёрнутого ответа, в рамках комментария неосуществимого. Пока же хочу сказать, что я занимаюсь в науке тем, что мне **интересно**. Ко мне могут быть претензии научного или методологического плана, как и к любому исследователю. На озвученные Вами я постараюсь ответить. Но за грантами никогда не бегал и конъюнктуре не следовал.

*Анатолий А. Клёсов говорит:*

*>>...полагаю, что у меня будет возможность для развёрнутого ответа...*

Замечательно, уважаемый Дмитрий Сергеевич. Только лучше не ответ, а статья по фатьяновской культуре (раз о ней речь), с учетом высказанных замечаний, если есть такая возможность. Иными словами, сформулировать исторические загадки по ФК, и на них ответить. Если, конечно, получится. А если загадки не формулируются, или ответов на них не предвидится, то и не надо. Зачем нам ходить по кругу? Ответы обычно имеют свойство превращаться в сказку про белого бычка. Чтобы Вы не думали, что мой довольно жесткий разбор Вашей статьи несправедлив, то сообщу, что получил письмо от профессионального историка, который назвал разбор «блестящим». Это не к тому, чтобы себя похвалить, а показать и другие мнения. «Мнения» здесь не в единственном числе, потому что другой профессиональный историк, который тоже написал письмо, назвал статью «слабой». Да Вы, наверное, и сами это понимаете.

*>> ... я занимаюсь в науке тем, что мне интересно.*

Дело, разумеется, Ваше, чем заниматься и какие статьи писать. Но на мой взгляд, «интересно» – этого мало. Я знавал одного исследователя, который кормил скворцов 12-ю разновидностью круп, причем делал это в темноте. По-моему, там и жердочки были в виде ломаной линии. Ему было интересно, что из этого получится. Если Вы думаете, что он шел на вклад в науку, то ошибаетесь. Ему просто было интересно. Академические институты полны людьми, которые искренне рассматривают то, что они делают, как «интересно», только мало кто их

цитирует. Или никто. Надо, чтобы было не просто «интересно», а чтобы результаты в мире ждали. Хотя, повторяю, дело Ваше.

Кстати, один из таких случаев я вспомнил в книге «Интернет», когда на одной из конференций меня спросили, измерял ли я степень дисперсии оптического вращения ферментов целюлаз. Я ответил, что нет, а зачем? Что это даст? «Но ведь это интересно», ответил собеседник, «ведь это никто в мире не делал». Точно, не делал, подтвердил я, я знаю и целлюлазы, и метод изучения дисперсии оптического вращения, потому и не вижу, что это даст. «Вы меня не понимаете», ответил собеседник, «но ведь это же интересно!» Так мы и разошлись, ментальный контакт не установился. С тех пор прошло полсотни лет, и никому это в самом деле не понадобилось.

>> *Но за грантами никогда не бегал и конъюнктуре не следовал.*

А может, стоит? А то у меня сразу видение – лежит на диване 200-килограммовый малый, в окружении бутылок пива, и гордо говорит, что за грантами никогда не бегал, и конъюнктуре не следовал. Это, разумеется, не Вы. Но слова сходные. Меня они, признаться, пугают. Наверное, лауреаты Нобелевской премии и за грантами бегали, и конъюнктуре следовали. Иначе говоря, занимались вопросами, решение которых сделало их выдающимися учеными. Но, уверяю Вас, без грантов они бы не справились.

*Роман* говорит:

Вот, например, [иллюстрация того, как могли истреблять](#).

*NoApatrid* говорит:

У меня 2 вопроса.

1) Почему путь миграции северный (и можно ли проверить по минорным группам финно-угорских народов России), или они бежали как угорелые, пока не уперлись в море, и только после войны успокоились, поняв, что им ничто не угрожает.

2) Будет ли 7 часть, потому как до сих пор не понятно, удержались ли западные “славяне” (R1a) на своих землях или вернулись вновь.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *Почему путь миграции северный (и можно ли проверить по минорным группам финно-угорских народов России)...*

Путь миграции кого? Носителей N1c1? Северный – это понятие относительное, и далеко не всегда тундра или Северный полюс. Я уже пояснял в ответах, что финны (до 75% гаплогруппы N1c1, в столице несколько меньше, в среднем по стране около 65%) говорят на финно-угорских, они же финно-пермские языки. Посмотрите на карте, где Пермь, и увидите, что это средний и северный Урал, по официальным данным. Пермь, кстати, находится примерно на одной широте с Хельсинки (58о и 60о с.ш., соответственно, а Хельсинки – на самом юге Финляндии, большая часть которой находится за полярным кругом, 66о с.ш.). Так какой был путь миграции будущих финнов, южный?

Не понял, как путь миграции гаплогруппы N1c1 можно проверить по минорным группам других финно-угорских народов? У них, как правило, другие субклады. Или Вам нужно быть конкретнее. Например, как путь миграции носителей R1a-Z280 на Балтику можно проверить по миграции носителей R1a-Z93 в Индию?

*>> или они бежали как угорелые, пока не уперлись в море...*

Миграции народов древности вряд ли описываются высоконаучным термином «как угорелые». По оценкам, носители N1c1 образовались примерно 15 тысяч лет назад, примерно 6 тысяч лет назад они могли быть на Урале, и примерно 2500 лет назад будущие балты прибыли на Южную Балтику, и 2000-1500 лет назад будущие финны прибыли на территорию будущей Финляндии. Общие предки гаплогруппы N1c1 на Русской равнине жили 3500-3200 лет назад (по разным выборкам). То есть миграции шли тысячелетиями.

*>> Будет ли 7 часть...*

Пока не предполагается, шестая часть была завершающей в этой серии. Более детально описание будет в новой книге «История ариев и эрбинов», которая вскоре выйдет, и ее презентация предполагается в мае будущего года в Москве, по схеме, как обычно. Возможно, и в других городах.

Славяне R1a на своих землях в Прибалтике удержались более двух тысяч лет (а в Польше и сейчас живут), и примерно с 3200 лет назад (лужицкая археологическая культура, и далее славянские культуры, перечисленные с датировками в статье выше) жили на своих землях до средних веков, под постоянным немецким давлением, постепенно им уступая. Это и было продвижение R1b на славянские земли, которое описано в конце статьи. В итоге славяне онемечились, самый известный случай, наверное, лужичан, которые и сейчас на 80% R1a, они же лужицкие сербы, сейчас проживают в Саксонии (верхнелужицкие сербы) и в земле Бранденбург (нижнелужицкие сербы), говорят на двух языках – основной немецкий, а также соответственно верхнелужицкий и нижнелужицкий языки.

Благодаря славянам (в прошлом) Восточная Германия столь отличается от Западной Германии, в восточной Германии 24% R1a, в Западной – 9%.

*Иван* говорит:

Анатолий Алексеевич, поздравляем с выходом очередной части исследования миграции ариев. Просмотрели с сыном ваши видео лекции в прошлой публикации (но не все), в связи с ними возникает вопрос по поводу слияния языков группы N1с с языком R1a, или точнее перехода угорского населения с угорского наречия на индоевропейский – славянский язык. Это происходило на северо-востоке Европы примерно 2000-2500 лет назад. Этому посвящена отдельная часть лекции. Вопрос. Скажите, пожалуйста, почему не освещаются (или освещаются, но в очень застенчивой манере) точно такие же процессы на западе континента, где пришедшие эрбины, по времени несколько ранее угров, так же заимствовали славянский язык, более того заимствовали азбуку или в целом письменность R1a и I2a. Да и вообще переписали всю культурологическую программу и историю в целом на свой лад. Рады, что в Ваших работах есть естественнонаучное доказательство тех идей, которые были по наитию принесены великими славянскими и русскими учёными историками как в XIX, так и в XX веке. Кстати наша бабушка 46 г. р. Училась на философском факультете МГУ, не в одно ли время с Вами?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> ...возникает вопрос по поводу слияния языков группы N1с с языком R1a, или точнее перехода угорского населения с угорского наречия на индоевропейский – славянский язык.*

Вопроса по поводу этого слияния я не нашел. Нашел другой вопрос:

*>> почему не освещаются (или освещаются, но в очень застенчивой манере) точно такие же процессы на западе континента, где пришедшие эрбины, по времени несколько ранее угров, так же заимствовали славянский язык, более того заимствовали азбуку или в целом письменность R1a и I2a.*

Не освещаются, видимо, потому, что нет такого вопроса, тем более чтобы были «точно такие же процессы». Мы, видимо, разойдемся в определении понятия «точно такие же». Переход с языка А на язык В не может быть «точно таким же», как переход с языка С на язык D. Вы, наверное, хотели сказать «тоже позаимствовали». Далее, для меня новость, что эрбины заимствовали славянский язык. «Я другой такой страны не знаю», где основное население составляют потомки эрбинов (R1b), и чтобы они говорили на славянских языках. Вы, наверное, хотели

сказать «языки гаплогруппы R1a», или «индоевропейские языки». Но 3000-2500 лет назад еще не было славянских языков, так, как их классифицируют лингвисты. Меня еще несколько удивило, что эрбины заимствовали азбуку или «в целом» письменность гаплогруппы I2a, да еще 3000-2500 лет назад. Но данным, которые есть в наличии, гаплогруппа I2a тогда еще не прошла бутылочное горлышко популяции, это произошло скорее в конце прошлой эры, так что вряд ли эрбины могли у I2a что-то заимствовать ранее того времени. Да и позже того времени тоже вряд ли заимствовали азбуку или письменность.

В отношении того, что эрбины позаимствовали азбуку или письменность у носителей гаплогруппы R1a 3000-2500 лет назад (или позже), это мне тоже неизвестно. Возможно, Вы здесь знаете больше меня, что, впрочем, вполне может быть. Это уже область лингвистики, не моя профессия.

Бабушка – возможно, в то же время. Но наши факультеты располагались в разных местах.

*И. Рожанский* говорит:

Чтобы не возникало недоразумений с трактовкой карты субклада R1b-L23>Z2103>Z2106, приведу статистику по всему субкладу Z2103. Она была собрана как с полевых, так и коммерческих выборок. Критерием отбора послужил маркер DYS393, базовое значение которого в этой ветви – 12, а не 13, как в других субкладах, за исключением редкого R1b-M269>.PF7562 (DYS426=11). Вот с какой частотой встречается DYS393<13 в репрезентативных выборках с гаплогруппных проектов: U106 – 2,6% (60 из 2274), L21 – 2,4% (91 из 3824), U152 – 2,8% (28 из 1005), P312 (xL21xU152) – 5,1% (79 из 1551), Z2103 – 93.5% (348 из 372).

Поскольку пока неизвестно ни одного из современных представителей гаплогруппы R1b-L23, у кого были бы подтверждены минусы как по L51, так и по Z2013, то, по меньшей мере, в Европе, значение DYS393<13 может служить надежным индикатором принадлежности к Z2103. После этого предисловия – таблица, в последней графе которой приведена доля носителей R1b-Z2103 в процентах от всей выборки. Для регионов с большим перевесом R1b-L51 при оценке делалась поправка на небольшую долю гаплотипов с отклонением DYS393 в нижнюю сторону.

Регион	Всего образцов	R1b	R1b (DYS393<13)	R1b-Z2103 (%)	Источник
Сицилия	282	83	17	5,3	Purps 2014
Южная Италия	253	71	17	6,1	Purps 2014
Северная Италия	1464	710	68	3,3	Purps 2014
Греция	213	46	14	6,1	Purps 2014
Болгария	808	88	50	6,2	Karachanak 2013
Македония	101	7	3	2,9	Purps 2014
Босния	100	4	2	1,9	Purps 2014
Хорватия	238	33	7	2,6	Purps 2014
Хорватия	1100	87	27	2,3	Mrsic 2012
Словения	104	16	5	4,5	Purps 2014
Румыния	149	18	8	5,4	Martinez-Cruz 2012
Венгрия	239	56	12	4,5	Purps 2014
Чехия	114	34	9	7,2	Purps 2014
Чехия	1750	499	91	4,5	Zastera 2010
Германия	1678	779	57	2,1	FTDNA
Польша	1428	184	41	2,6	FTDNA
Белоруссия	1086	58	29	2,6	Рожанский 2013
Украина	484	34	10	1,9	FTDNA
Россия	1153	72	32	2,7	FTDNA

Karachanak S., *et al.* (2013) Y-Chromosome Diversity in Modern Bulgarians: New Clues about Their Ancestry. *PLoSone*; March 6, 2013 DOI: 10.1371/journal.pone.0056779

Martinez-Cruz B., *et al.* (2012) Y-Chromosome Analysis in Individuals Bearing the Basarab Name of the First Dynasty of Wallachian Kings. *PLoSone*; July 25, 2012; DOI: 10.1371/journal.pone.0041803

Mrsic G., Grskovic B., Vrdoljak A., *et al.* (2012) Croatian national reference Y-STR haplotype database. *Mol. Biol. Rep.*, **39**, 7727–7741

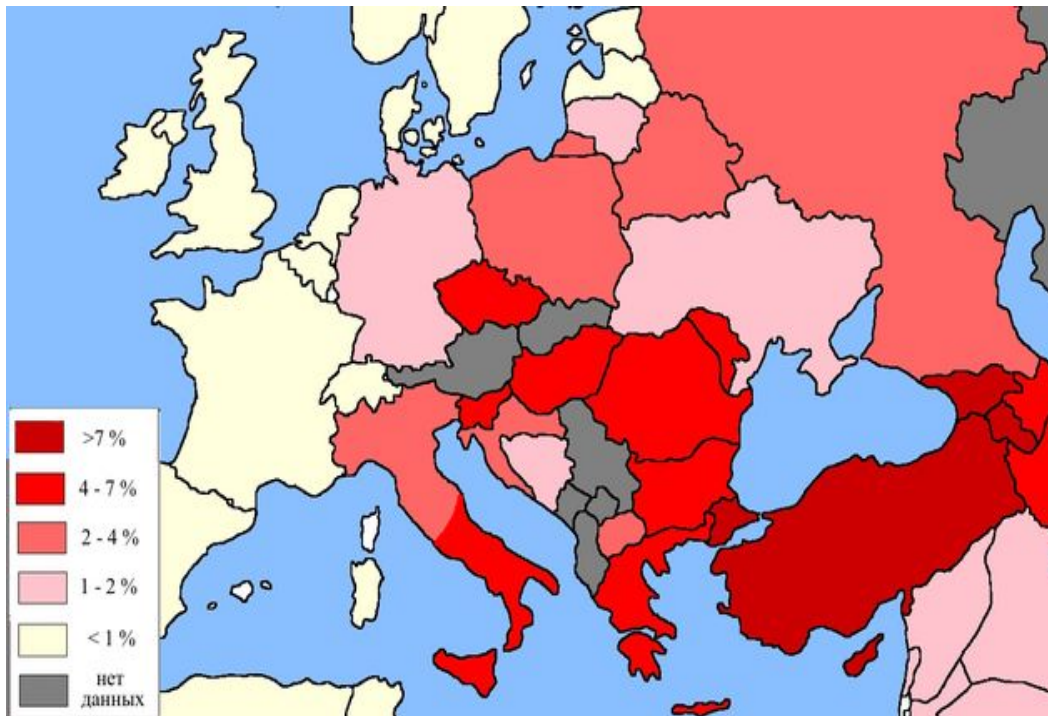
Purps J., *et al.* (2014) A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci. *Forensic Science International: Genetics* **12**, 12–23

Zastera J., *et al.* (2010) Assembly of a large Y-STR haplotype database for the Czech population and investigation of its substructure. *Forensic Science International: Genetics*, **4**, e75-e78

Рожанский И., *и др.* (2013) Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии. *Наука и инновации. Научно-практический журнал (Минск)*. № 3 (121), 55-62.

А это карта, дополненная данными по Западной Европе и Малой Азии:





Вся информация проверяется по ссылкам, а сходные результаты по независимым выборкам у чехов и хорватов позволяют считать, что статистика достаточно объективная. Как уже писал ранее, в Европе и на Северном Кавказе преобладает ветвь Z2106, довольно редко встречающаяся в Закавказье и Анатолии. Следовательно, потомки «ямников» сейчас живут в Восточной Европе и на Балканах, и не в столь уж малых количествах. Через Кавказ они, по всей видимости, не проходили.

*Парфирий* говорит:

Большое спасибо Вам за интересные комментарии, у меня вопрос – Вы не планируете написать книгу со своим видением арийских миграций, “отношений” R1a с R1b и т.д.? У Вашего коллеги Клёсова уже несколько книг с его гипотезами, а хотелось бы подробно ознакомиться и с альтернативными точками зрения.

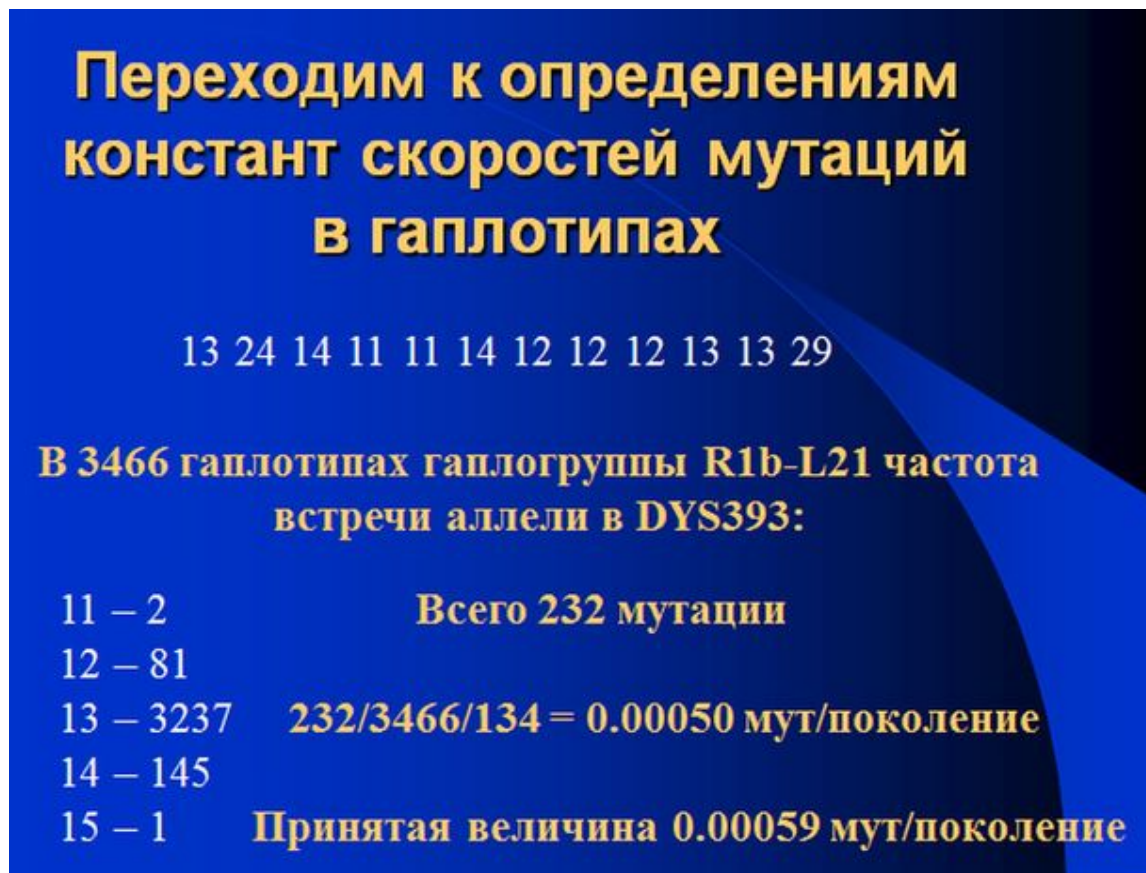
*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *приведу статистику по всему субкладу Z2103.*

Хорошо, уже намного лучше, чем прежняя аргументация. Но поскольку вопрос важный, то он требует внимательного рассмотрения. Но внимательное рассмотрение продолжает ставить вопросы. Начну не с самого важного – процитированное выше (курсивом) является натяжкой, на этом уровне дискуссии недопустимой. Зачем писать «субкладу Z2103», когда надо написать «статистику по DYS393 <13». Это ведь не

одно и то же. Понимаю, что в первом приближении корреляция может (или должна) наблюдаться, но вопрос в том, какая корреляция. А уж писать «субклад Z2103», это, повторяю, натяжка, которая бросает тень на последующее. Ясно, что автор не является здесь объективным, а это неважный признак.

Почему натяжка? Да потому, что любой, знакомый с вероятностями мутаций в маркерах Y-хромосомы, знает, что  $DYS393=12$  является «штатной» мутацией, в том числе без всякой связи с Z2103. В курсе лекций, недавно опубликованном, в лекции восьмой, есть следующая иллюстрация:



Мы видим, что в данном случае (субклад R1b-L21) аллель  $DYS393=12$  встретила в 2.3% от всех мутаций (81/3466), и это не имеет никакого отношения к Z2103. На самом деле эта доля еще выше, поскольку, как обсуждается в лекции, эта картина несколько перекошена за счет несимметричности мутаций. Поэтому приравнивать  $DYS393=12$  к доле субклада Z2103 – не совсем корректно. Более того, мы ведь многого не знаем об истинной картине распределения мутаций. Какой был бы вывод еще два года назад, когда о Z2103 вообще не было известно? Куда бы отнесли  $DYS393=12$ , что так лихо сейчас делаем, относя к Z2103? И как изменятся наши представления в этом отношении еще через два года?

Поэтому вывод такой – раз уж вести дискуссию, то Z2103 есть Z2103, а не разные «прокси», которые легко могут поплыть.

В представленной таблице не только это вызывает сомнение. В последней строке Россия показывает такую же, или меньше, долю DYS393<13, по сравнению с другими странами. Это – удивительно, так как в России большая доля R1b имеют именно 12 в этом маркере. Например, в Лаборатории ДНК-генеалогии протестировали 14 человек с R1b, и 10 из них показали DYS393=12 (двое показали 13, и двое 14). А уж на Кавказе почти все имеют 12. Поэтому странно читать (последняя фраза в комментарии) – *«Через Кавказ они, по всей видимости, не проходили»*. Еще больше видна необъективность автора, которому, похоже, во что бы то ни стало надо провести свое «видение». Если не так – почему в таблице вообще не приведены данные по Турции? Там в большинстве R1b наблюдается аллель 12, и данные в таблице сразу приобрели бы другой смысл. Но нет, данные по Турции не приведены, хотя их известно множество.

Более того, обсуждение Z2103 у меня имело подчиненный характер, главное было то, что ямники не переносили в Европу индоевропейские языки. И рассмотрение Z2103 было иллюстрацией. Смотрим на приведенную выше карту – вся Западная Европа сплошное белое пятно. Там как же это могло быть, если Z2103 до Западной Европы не дошли? А как ИЕ языки, получается, там оказались, если их «ямники» принесли? Вот и имеем «сухой остаток» – данные с Z2103 натянуты, Кавказ и Турция в таблицу не помещены, что сразу поставило бы всю таблицу на (подобающее) место, и вопрос с ИЕ языками, которые ямники якобы доставили в Европу, и который на самом деле центральный, даже не рассматривался. Видимо, потому, что налицо явная нестыковка в паре Z2103 (ямники) и ИЕ языки. Тогда о чем вообще речь?

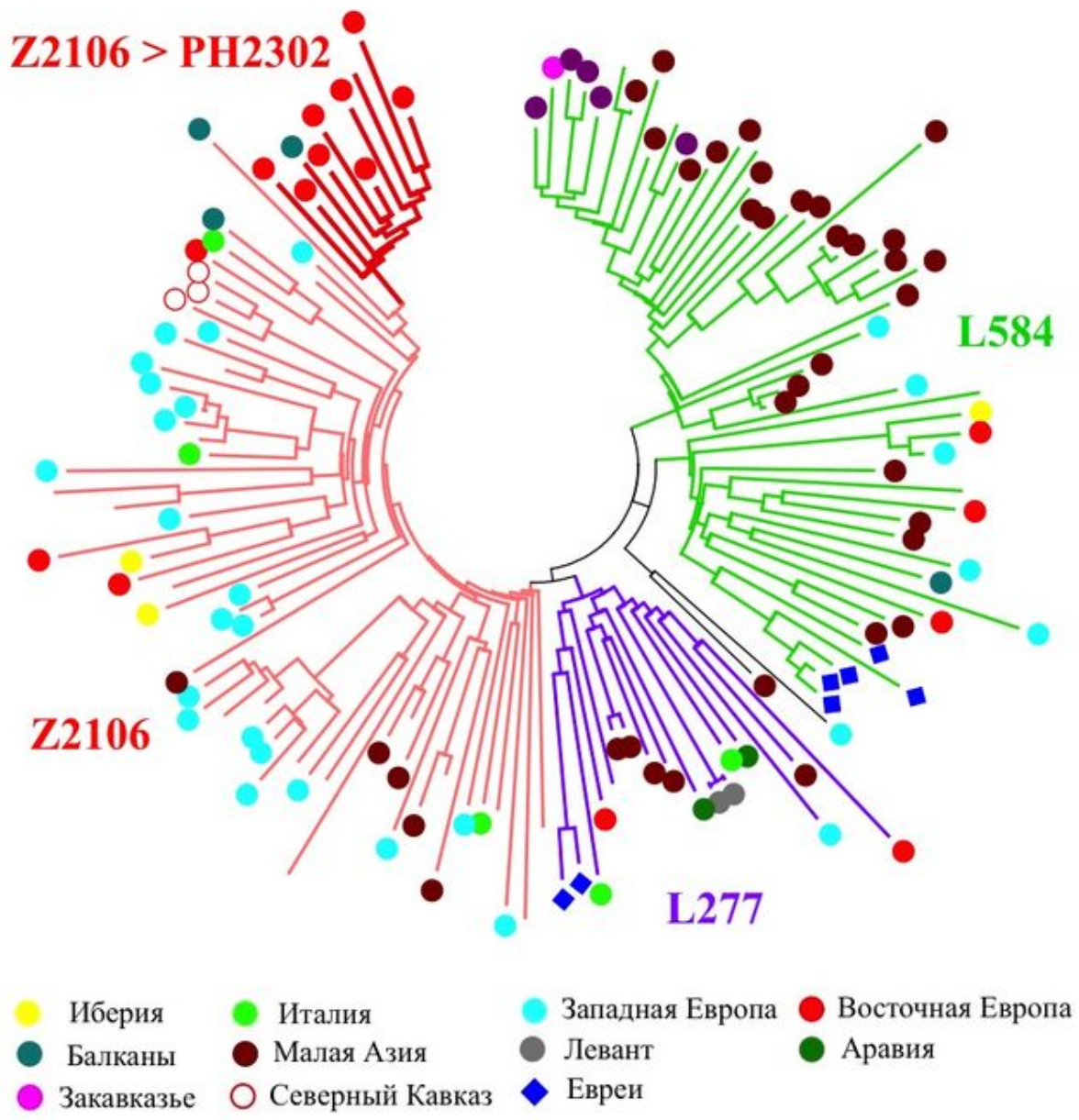
*Алексей* говорит:

Уважаемый Игорь Львович, вопрос к Вам. R1b Z2103 – сарматы? Были на военной службе в Римской империи. Участвовали в нашествиях гуннов. Польская шляхта утверждает своё происхождение от сарматов. Могут быть носители R1b Z2103 в европейских странах потомками болгар и авар? Какой возраст этой ветви в Европе?

*И. Рожанский* говорит:

>> *Какой возраст этой ветви в Европе?*

Для этого можно воспользоваться данными с проекта R1b Basal Subclades, а именно списком из 136 111-маркерных гаплотипов, принадлежащих к субкладу Z2103. Статистика по регионам приведена в графическом виде на дереве субклада.



Из схемы хорошо видно географическое разделение трех параллельных субкладов, из которых в Европе с большим перевесом лидирует Z2106. То есть, основная часть от 4-7% жителей Балкан, Италии и Центральной Европы, что отмечены на карте - это люди из ветви Z2106. Вот датировки и базовые 111-маркерные гаплотипы этих ветвей:

L277: 3975±450 лет назад

12 24 14 11 11-14 12 12 12 13 14 28 17 9-10 11 11 25 15 19 29 15-15-16-18 11 11  
 19-23 16 16 17 17 35-37 12 12 11 9 15-16 8 10 10 8 10 11 12 23-23 16 10 12 12 15 8  
 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12 37 15 9 16 12 26 26 19 11 11 13 12 10 9 12 12 10

11 11 30 12 12 24 13 10 10 20 15 19 13 24 18 13 15 24 12 23 18 10 14 17 9 11 11

L584: 4425±460 лет назад

12 24 14 11 12-15 12 12 12 13 13 29 16 9-10 11 11 25 15 19 28 15-15-16-18 11 11  
19-23 16 16 18 17 35-36 12 12 12 9 15-16 8 10 10 8 11 11 12 23-23 15 10 12 12 16 8  
12 23 20 13 12 11 13 11 11 12 12 35 15 9 15 12 25 26 19 12 11 13 12 10 9 12 12 10  
11 10 30 12 13 24 13 10 10 20 15 19 13 24 18 12 15 24 12 23 18 10 14 17 9 11 11

Z2106: 4125±430 лет назад

12 24 14 11 11-14 12 12 12 13 13 29 16 9-10 11 11 25 15 19 30 14-15-16-18 11 11  
19-23 15 16 19 17 36-38 12 12 11 9 15-16 8 10 10 8 10 11 12 23-23 16 10 12 12 15 8  
12 22 20 14 12 11 13 11 11 12 12 34 15 9 16 12 26 26 19 12 11 12 12 10 9 12 12 10  
11 11 30 12 13 24 14 10 10 20 15 19 13 24 17 12 15 24 12 23 18 10 14 17 9 11 11

Эти базовые гаплотипы отстоят друг от друга на примерно равное расстояние, образуя треугольник со сторонами в 20, 21 и 23 мутации. При пересчете в датировки это дает время жизни их общего предка 5800±500 лет назад, то есть время существования ямной культуры и находок древней ДНК из субклада Z2103. Расчет по снипам на сайте YFull дает датировку 6100±700 лет назад, что, по сути, то же самое.

Отсюда можно сделать вывод, что потомки «ямников» – носители ветви Z2106, по-видимому, начали заселять Восточную и Южную Европу задолго до появления сармат на исторической арене. Судя по времени жизни предка (4125±430 лет назад), она прошла через то же бутылочное горлышко, что большинство принципиальных генеалогических линий Европы, Закавказья и Ближнего Востока. С каким народом их следует ассоциировать, сказать сложно. Едва ли в исторические времена это был какой-то один народ.

>> R1b Z2103 – сарматы? Были на военной службе в Римской империи.

А как Вы сами считаете, может быть каждый 20-й грек или итальянец потомком немногочисленных наемных конников, входивших во вспомогательные войска римской армии? На примере данных Y-ДНК славян и арабов можно уверенно говорить, что наемные или купленные на невольничьем рынке солдаты практически не оставили следа в генеалогических линиях народов, которым они служили. Слишком их было мало по отношению к основному населению, и слишком слабо они были укоренены в нем, чтобы их потомков можно было обнаружить при существующей плотности тестирования на ДНК-проектах. Хронисты сообщают о многочисленных варяжских дружинах в Византии и султанатах Ближнего Востока, но у современных жителей этих регионов не обнаружено ни одного носителя специфической для уроженцев

Скандинавии ветви R1a-Z284, которую можно считать надежной меткой их присутствия. Далее, хорошо известно, что личную гвардию у монархов Ближнего Востока комплектовали из гуламов – рабов преимущественно славянского и северокавказского происхождения. Некоторые из них достигали очень высокого положения и могли даже содержать гаремы. Однако смотрим на выборку в несколько тысяч арабов и видим всего троих человек с очевидной славянской родословной (R1a-L260), чуть больше тех, кто принадлежит к линиям гаплогрупп J и G, специфическим для Кавказа.

Это, очевидно, означает, что либо линии потомков тех наемников пресеклись, в силу их малочисленности, либо сохранились в столь незначительном количестве, что пока они проскакивают через все выборки, как мелкая рыбешка через ячейки невода. Больше повезло потомкам черных рабов, которых в течение многих веков ввозили в арабские страны. Среди современных жителей стран Персидского залива около 5% принадлежат к специфическим для Восточной Африки ветвям E-M2, E-M85 и A-M32. Рабы-африканцы многократно превосходили по численности воинов-гуламов, а их интеграция в исламское общество проходила в более полной мере, чем у профессиональных солдат с их постоянными походами, сборами и ранней гибелью в сражениях. Если бы поток выходцев из Сарматии в Римской Империи был сопоставим по масштабу с работорговлей на Ближнем Востоке времен Средневековья, то Ваше предположение можно было бы рассматривать в качестве версии. Однако, насколько мне известно, ничего подобного не происходило, а, значит, предков людей из Z2103 в Европе надо искать где-то еще.

>> *Польская шляхта утверждает своё происхождение от сарматов.*

Она много что утверждала, чтобы обосновать свою исключительность в сравнении с «быдлом». Как показывают ДНК-проекты потомков шляхетских родов, это не так, и шляхтичи по своей Y-ДНК ничем не отличаются от поляков из низких сословий.

Однако у славян имеется одна любопытная линия, что на дереве выделена в верхней левой части, с терминальным снипом RН2302. Ее предок жил всего 2000±270 лет назад, так что для нее сарматские корни нельзя считать невероятными. Но ни к шляхте, ни к полякам вообще она прямого отношения не имеет, потому что рассеяна среди всех славянских народов, от хорватов до русских. Даже если будет доказано сарматское происхождение этой линии, это будет, в первую очередь, указывать на вхождение всего рода в состав славян, а не на службу предка в качестве наемного солдата у кого бы то ни было.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Очень хорошо. Иван Васильевич бы сказал – «Вот что дискуссия животворящая делает!». А дискуссия смещается от натяжек и «прокси» (то есть замен и приближений) к более реальным данным. Но, надо сказать, далеко не всегда. Если посмотреть на базу данных по «базальным субкладам», на что сослался Игорь Львович, то нетрудно увидеть, что там во многих случаях вместо прямого тестирования на Z2103 (он же Z2105) стоит «tested or predicted», то есть «или предсказан». Вот и видим там, что тест показал M269, а рядом стоит «Z2103, tested or predicted», то есть явно predicted. То же часто встречается и в отношении L23, это не Z2103, а tested or predicted. В цветной диаграмме выше это уже идет категорично как Z2103 или его субклад.

Я бы не стал об этом упоминать, но раз дискуссия пошла в детали, об этом стоит написать. Наконец, поскольку дискуссия опять же пошла в детали, надо напомнить вещь очевидную – рассчитанные датировки времен жизни общих предков на основании современных гаплотипов далеко не всегда означают, что расчетные датировки относятся к регионам, указанным на цветной диаграмме. Это означает, что общие предки жили где-то, но вовсе не обязательно в обозначенном регионе. За прошедшие пять тысяч лет люди куда только не переезжали, особенно когда берут современные гаплотипы, рассеянные по всей Европе (как на диаграмме выше), и считают время жизни общего предка. Да, общий предок жил в расчетное время, но где? В ямной культуре? На Кавказе? В Турции? В России? Мы не знаем. Иногда такие расчеты дают ожидаемую датировку для данного, ожидаемого региона, например, когда мы берем группу киргизов из Киргизского проекта, и получаем, что общий предок жил 1600 лет назад. Мы говорим – похоже на скифские (или послескифские) времена, но где – на Енисее или в Средней Азии – мы сказать тоже не можем. Впрочем, вопрос так обычно и не ставится, ставится – когда жил их общий предок.

А что мы имеем здесь? Мы берем не группу людей из одного этноса, не из одного региона (в настоящее время), а берем субклад. И получаем, что да – это расчетное время образования субклада, тогда же жил и общий предок. Все сходится. Но говорить, что этот общий предок жил тогда же и в Италии, и в Германии, и в каждой из перечисленных стран – мы вообще не имеем права без наличия независимых данных. Такими данными в этом случае будут ископаемые ДНК. И вот тогда, если ископаемые Z2103 с датировками 5000 лет назад будут найдены в Италии, Польше, на Балканах, во Франции, Испании, Бельгии, тогда ответ на вопрос будет получен. Пока – нет.

*И. Рожанский* говорит:

>> *А дискуссия смещается от натяжек и «прокси» (то есть замен и приближений) к более реальным данным.*

Никаких *натяжек* и «*прокси*» в составленной мной карте нет. Все строго доказывается методами математической статистики. Вот конкретный пример с анализом итальянского и французского проектов FTDNA, из которых были предварительно отсеяны посторонние участники, а группы близких родственников сокращены до одного гаплогрупп.

Категория	DYS393 базовое	Италия	Франция	Примечания
R1b всего		280	772	
R1b (DYS393<13)		62	24	
Доля <b>DYS393&lt;13 (%)</b>		<b>22,1</b>	<b>3,1</b>	
Подтверждено SNP		122	282	
L389	13	1	0	Реликтовая ветвь
M73	12	2	1	Европейская ветвь
PF7562	12	4	0	M269 (xL23), DYS426=11
Z2103	12	3	0	Терминальный SNP не определялся
L277	12	6	0	
L584	12	1	0	
Z2106	12	7	0	
L51	13	4	1	Минорные ветви (xU106, xP312)
U106	13	13	33	
P312	13	4	3	Минорные ветви (xL21, xDF27, xU152)
L21	13	7	75	
DF27	13	15	64	
U152	13	54	71	
P312*	13	1	34	Терминальный SNP не определялся
Доля <b>Z2103 (%)</b>		<b>14</b>	<b>0</b>	

Из 122 итальянцев (в основном с юга Италии) гаплогруппы R1b, сделавших себе углубленный анализ снипов, 17 принадлежат к субкладу Z2103. При пересчете в долю от всей итальянской выборки мы получаем те самые нанесенные на карту 4-7%, что и требовалось доказать. Статистика по полевой и коммерческой выборкам дали идентичные результаты. У французов не оказалось ни одного человека с подтвержденным снипом Z2103, что также отображено на карте. Доля гаплогрупп с **DYS393<13** у них точно укладывается в статистическую вариацию для субклада L51.

Точно такие же расчеты можно, в принципе, провести для таких хорошо представленных проектов, как польский, немецкий или норвежский, но результат будет вполне ожидаемым, как на карте. Как известно, чтобы убедиться, что море солёное, вовсе не обязательно брать пробы воды отовсюду. По болгарам, которых в полевой выборке типировали на снипы, нисходящие от L51, мы получаем ту же самую долю Z2103 (даже если заменить это обозначение эвфемизмом M269\* **DYS303<13**), что у их ближайших соседей - греков и румын. Следовательно, никакого выброса у болгар не наблюдается. Выброс - это, скорее, несколько сниженная доля той же ветви у хорватов, боснийцев и македонцев.



Поскольку для юго-востока и центра Европы мы имеем вполне осязаемое представительство R1b-Z2103, то надо искать этому объяснение в научных категориях, а не уличать оппонента в натяжках и подтасовках.

*Kondrat* говорит:

Анатолий Алексеевич, нельзя ли увидеть новую статью о белорусах с точки зрения ДНК-генеалогии? Их родственные или прямые (“не отличишь”) связи с окружающими народами. Помнится когда-то была у Вас совместная работа с АН Белоруссии, заодно и напомните, чем дело кончилось?

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

Это уже было опубликовано, совместно с белорусскими криминалистами и сотрудниками АН Белоруссии, и ответы на эти вопросы получены. Что даст еще одна статья в данном отношении? Ведь проанализированы более тысячи белорусских гаплотипов, по четырем основным регионам страны, показаны вариации по регионам, и так далее. Статья была опубликована в одном из ведущих научных журналов АН Белоруссии. Эти данные неоднократно обсуждались на Переформате и в книге «Происхождение славян» со ссылками и отнесениями.

*Kondrat* говорит:

>> *Что даст еще одна статья в данном отношении?*

Своевременность. Недавно МИД Белоруссии оскорбился на высказывания директора РИСИ (бывший генерал внешней разведки). До этого арестовали журналистов в Белоруссии, которые в грубой форме высказывали то же, что и директор РИСИ. Я по белорусскому ТВ имею возможность наблюдать, как из русских пытаются делать белорусов. Это проблема в перспективе.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

А чем несвоевременно опубликованное ранее исследование более тысячи гаплотипов белорусов? Что-то я не припоминаю, чтобы МИД Белоруссии как-то отозвался на это исследование, опубликованное в республиканском академическом издании, а также в книге «Происхождение славян». Может, чем публиковать новые и новые исследования по сути с теми же выводами, стоит донести те результаты до МИДа и генерала внешней разведки? Там было четко показано, что белорусы и русские – это фактически одни и те же люди, имеют одинаковое происхождение.

Иначе получается странная ситуация – на статьи, результаты, выводы не обращают внимания, или не принимают во внимание, но при этом порхает надежда, что вот если опубликовать практически то же самое, или с большим числом испытуемых, или с более длинными гаплотипами, то вот тогда внимание обратят. Может, что-то в консерватории подправить? Может, Деружинский слезами обольется, и покается? Каспаров с Ходорковским и Касьяновым заплачут, и скажут – люди, простите нас? Мы не знали результатов ДНК-генеалогии... Балановские с Боринской прибегут просить прощения... Может, правда, и собираются. Ждем.

*Kondrat* говорит:

*>> опубликованное в республиканском академическом издании, а также в книге «Происхождение славян»...*

Ни одно, ни второе не доступно в виде одной ссылки на статью, Вашу статью, в Вашем стиле, которую можно использовать для разъяснения с ещё не пропащими товарищами. А указанные Вами лица пусть остаются при своих – они полезны как прививка.

*И. Рожанский* говорит:

Статья перепечатана в Вестнике Академии ДНК-генеалогии за 2013 год, том 6, № 5. Все выпуски Вестника доступны для бесплатного скачивания [по этому адресу](#).

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

*>> опубликованное в республиканском академическом издании, а также в книге «Происхождение славян»...*

*>> Ни одно, ни второе не доступно в виде одной ссылки на статью, Вашу статью, в Вашем стиле, которую можно использовать для разъяснения...*

Уважаемый Кондрат, остается только вспомнить поговорку «кто хочет – ищет возможности, кто не хочет – ищет причины». Я так и не пойму, что с такой настойчивостью от меня требуется. Оказывается, в Беларуси недоступно одно из ведущих белорусских же академических изданий. Оказывается, недоступна книга «Происхождение славян» (вышла уже тремя изданиями), в которой целая глава посвящена этому вопросу: название главы 10 – «ДНК-генеалогия Белоруссии и ее сходство с ДНК-генеалогией России». Выдержка:

*Теперь подходим к белорусам, важной и неотъемлемой части славян. Из сведений, уже накопленных ДНК-генеалогией, можно ожидать, что структура*

белорусской популяции в целом вряд ли будет заметно отличаться от русской, украинской или польской. Равно и в отношении истории появления основных гаплогрупп на территории Беларуси нет оснований ожидать, что они будут заметно более древними или заметно более молодыми, чем на сопряженных территориях. Общие закономерности заселения европейской территории уже проанализированы и опубликованы, но генетических сведений об этнических белорусах среди них крайне мало.

И вот нам повезло. Оказалось, что ученые Национальной академии наук Беларуси и Центра судебных экспертиз Министерства юстиции Беларуси с участием Института этнографии и фольклора и Института генетики и цитологии НАН Беларуси, собрали большое количество, больше тысячи гаплотипов этнических белорусов. Это в наше время – грандиозное достижение. Работа по исследованию этнических белорусов очень важна в русле современных исследований, она отражает не только уровень науки в стране, но и понимание мировых приоритетов в научных исследованиях. Работа такого уровня дает возможность для достаточно глубоких обобщений в отношении познания не столько современной структуры белорусского народа (этим занимается популяционная генетика), сколько его этногенеза и связей с другими славянскими народами под углом ДНК-генеалогии.

Таким образом, этот очерк был бы невозможен без плодотворного сотрудничества с белорусскими коллегами, и в первую очередь с И.С. Цыбовским (первый заместитель директора Центра судебных экспертиз и криминалистики Министерства юстиции Республики Беларусь, г. Минск), и его сотрудников А.В. Богачевой, С.А. Котовой, Т.В. Забавской, Н.С. Шахнюк, а также с моими коллегами по Академии ДНК-генеалогии И.Л. Рожанским и А.С. Золотаревым. Большая часть расчетов и построения графиков в этом очерке проведена И.Л. Рожанским, за что ему огромная благодарность.

Образцы ДНК собирали по всей Беларуси, в ее центральном регионе, и по всем направлениям – на севере, юге, западе и востоке (см. далее табл. 2).

Осталось только сообщить, что основные данные рассмотрены в недавней серии видео-лекций, лекция 10, под названием [«Арии и русы. Русские, украинцы и белорусы»](#), с ней ознакомились уже более 1400 человек.

Анатолий А. Клёсов говорит:

>> А дискуссия смещается от натяжек и «прокси» (то есть замен и приближений) к более реальным данным.

>> Поскольку для юго-востока и центра Европы мы имеем вполне осязаемое представительство R1b-Z2103, то надо искать этому объяснение в научных категориях, а не уличать оппонента в натяжках и подтасовках.

Франция, наверное, к центральной Европе не относится, иначе

невозможно понять слова про «осязаемое представительство Z2103». Вот отсюда мои слова про натяжки. Про «подтасовки» у меня не было. Так вот, во Франции содержание Z2103 и всех нижестоящих субкладов равно просто нулю. А это – важный показатель, если не надергивать данные и не смотреть только на цифры по регионам, которые, как мы уже обсуждали, вовсе не означают присутствия там носителей Z2103 четыре-пять тысяч лет назад. Важный показатель еще и потому, что во Франции сейчас Z2103 нет, а в Италии (тоже сейчас) есть. Если это результат вторжения древних конных орд с востока, то как, интересно, они попали в Италию, минуя Францию? Уже это одно означает, что в Италии это намного более поздние Z2103, например, мигранты из Албании, Хорватии, Боснии, да и откуда угодно, а таких миграций в Италию было неисчислимо, в том числе (и особенно) во времена Римской империи.

Поскольку не все, возможно, схватывают суть обсуждения, вернемся к началу. Генетики, обнаружив субклад Z2103 в захоронении ямной культуры на Волге (и в Калмыкии), объявили, что это полностью поддерживает концепцию (выдвинутую М. Гимбутас полвека назад), что конные орды ямников-«индоевропейцев» ворвались с востока в Европу, что и привело к гибели «старой Европы», но принесло туда ИЕ языки. То, что Старая Европа погибла, мы знаем и из данных ДНК-генеалогии (хотя кто-то постоянно пытается оспаривать и это), так что в отношении гибели Гимбутас была права. Но вопрос – откуда пришла гибель? Гимбутас и ее последователи говорят – с востока, от конных ямников; я говорю – с юго-запада, от эрбинов, носителей археологической культуры колоколовидных кубков.

Вот – суть дискуссии. Наличие в Европе Z2103 – важный показатель, метка, потому что именно Z2103 нашли у ямников. Но только тогда это наличие является важным показателем, когда это ископаемые Z2103 с датировками того времени, то есть 5000-4000 лет назад. Понятно, что когда ископаемых Z2103 (а их пока ни одного не нашли, хотя ископаемые R1b в Европе уже найдены) не найдено, можно воспользоваться данными по современным Z2103, но надо постоянно держать в голове, что это **современные** Z2103, которые могли появиться за последующие пять тысяч лет когда угодно и откуда угодно. Поэтому при рассмотрении наличия современных Z2103 надо постоянно держать в голове системную картину, а именно возможные пути тех самых конных орд ямников, при их направлениях «в сердце Европы», как писала М. Гимбутас и повторяют ее последователи.

Понятно, что если современных Z2103 в Европе нет, то и вопроса нет, тогда ждем ископаемые Z2103. Мое первое рассмотрение современных Z2103 по тем данным, что были доступны год назад, после публикации статьи в Nature, которая и привела данные по Z2103 у ямников, показали, что гаплотипов Z2103 в Европе очень мало, буквально

единицы. А других гаплотипов субкладов R1b, пиренейского происхождения (U106, P312, U152, L21 и так далее) – тысячи. То есть стало ясно, что не ямники привели к гибели Старой Европы, а другие захватчики, вышедшие с Пиреней эрбины. Картина была достаточно ясной, поскольку и бутылочные горлышки популяции, и исчезновение мужских гаплогрупп из Европы при сохранении женских мтДНК, и датировки – всё подтверждало эту картину.

Но мой коллега начал всё это оспаривать. Что было не уничтожение коренного населения эрбинами, а губительные изменения климата (правда, странно, что женщины и сами эрбины оказались к нему нечувствительными), что это была эпидемия (правда, странно, что опять же женщины и эрбины оказались к эпидемии нечувствительными), что эрбины не умирали от мора или климата, потому что пили пиво, и так далее. «Аргументы» последовательно отводились, но последовательно появлялись другие. И вот дошли до Z2103. Опять пошли возражения, что Z2103 в Европе на самом деле много, потому что много DYS393=12. Пришлось опять это отводить, потому что опять используется «прокси», а не прямые данные, то есть идет постоянная подмена данных интерпретациями. Но польза была, потому что постепенно появлялись более конкретные данные.

В итоге пришли к тому, что в современной Италии Z2103 есть, и довольно много, а вот во Франции их совсем нет. Но это никак не стыкуется с системной картиной про «конных ямников», которые умудрились прискакать в Италию, минуя Францию. Это приводит к выводу, что природа появления в Италии Z2103 другая, нежели от «конных ямников» 5000-4000 лет назад. Например, с времен Римской империи, или вообще в любые другие времена, в том числе и более поздние. Но это означает, что и все остальные современные Z2103 в Восточной Европе могут иметь другую природу появления там. Датировки общих предков в такой ситуации мало что означают, они просто показывают, что общие предки были, где – неизвестно. Может, в той же ямной культуре.

Польза приведенных данных в основном в том, что мы видим совершенно доминирующее присутствие в Италии и Франции пиренейских по происхождению субкладов и их гаплотипов. Вот откуда пришла гибель «Старой Европы». А в остальном – подождем ископаемые ДНК. Сейчас готовится массивная публикация по ископаемым ДНК культуры колоколовидных кубков, вот и посмотрим. Итог – это хороший урок ДНК-генеалогии. Датировки – одно дело, а вот попытки привязать датировки к регионам при тех датировках – уже другое, если при этом нет других независимых данных.

*И. Рожанский* говорит:

>> *Опять пошли возражения, что Z2103 в Европе на самом деле много, потому что много DYS393=12. Пришлось опять это отводить, потому что опять используется «прокси», а не прямые данные, то есть идет постоянная подмена данных интерпретациями.*

Можно назвать приведенные мной выкладки “прокси”, но возникает встречный вопрос – к каким субкладам в таком случае следует относить европейские R1b с DYS393<13, в тех регионах (см. карту и таблицу), где их доля в разы превышает "естественную" вариацию в субкладе L51? Как показывает анализ выборки с итальянского проекта, это почти исключительно Z2103. У итальянцев к ним добавляется еще редкий субклад PF7562, но на Балканах и в Центральной Европе его практически нет, и у Z2103 нет реальной альтернативы. Можно, в принципе, заявить, что исчисляемые многими десятками гаплотипы с DYS393<13 из весьма масштабных полевых выборок – это какие-то еще неизвестные науке ветви, но это уже вброс новой сущности без необходимости. По этой причине я исхожу из полушутливого "аргумента утки": "Если некто выглядит, как утка, крикает, как утка, и переваливается, как утка, то, скорее всего, это и есть утка".

Статистику по Z2103 в Европе я привел вовсе не потому, что считаю ее аргументом в пользу "ямников-индоевропейцев". Скорее наоборот, она работает против трактовки "ямников" как предков людей из культуры колоколовидных кубков, потому что для них реконструируются разные пути миграций. Однако фактические данные опровергают и аргумент о почти полном исчезновении Z2103 в Европе, что сохранилась в качестве реликта только у русских и коренных народов Поволжья. Как мы сейчас видим, на Балканах, в Италии и в Центральной Европе это одна из весьма заметных генеалогических линий. К примеру, у чехов ее доля выше, чем у таких специфических для славян ветвей, как R1a-Y2902 и I2a-CTS10228.

То, что след R1a-Z2103 резко обрывается в Западной Европе – это очень показательно, но пока не дает зацепки к тому, где зародилась и какими путями двигалась линия их "кузенов" из субклада L51. Несколько парадоксально, в Испании эпохи энеолита их пока не нашли. Можно ожидать, что вскоре мы узнаем о таких находках, тогда, может быть, будут подвижки.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

>> *Можно назвать приведенные мной выкладки “прокси”, но возникает встречный вопрос – к каким субкладам в таком случае следует относить европейские R1b с DYS393 <13...*

Прежде чем относить что бы то ни было к чему бы то ни было, надо сначала сформулировать вопрос. Вопрос желательно должен представлять историческую загадку. Я этот основополагающий принцип научных исследований повторяю здесь уже не в первый раз, и, видимо, буду повторять еще, судя по развитию и возникновению дискуссий. Так вот, если историческая загадка в том, каким путем эрбины заселяли Европу, то упомянутое выше «отнесение» нам ничего не даст. Оно никому не нужно. Если историческая загадка в том, откуда в Европе у эрбинов появились ИЕ языки – с востока, из ямной культуры, или другими путями, то упомянутое выше «отнесение» нам тоже ничего не даст. Более того, если рассматриваемые исторические загадки относятся к событиям древности (например, 5000-4000 лет назад), то упомянутое выше «отнесение» нам тоже ничего не даст.

Именно потому развернувшаяся «дискуссия» ни на один исторический вопрос не смогла бы ответить. В лучшем случае она позволила высказать предположения, что в некоторых странах больше гаплотипов субклада Z2103, чем в других, но поскольку речь была о современных гаплотипах, эти предположения никуда не вели. Точнее, вели к типичному популяционно-генетическому вопросу о современном распределении гаплотипов, но к историческим вопросам это имеет совершенно косвенное отношение. И вот теперь цитата выше (курсивом) – опять типичный популяционно-генетический вопрос, только в самом простеньком варианте, поскольку речь не о самих субкладах, а о тех самых «прокси» – к чему можно отнести аллели типа DYS393<13. Причем аллели современные. Повторяю, что даже если можно сделать хорошие корреляции между величинами аллелей и субкладами (но всегда останутся нестыковки), то это все равно ничего не даст для ответа на упомянутые исторические загадки.

Многие, наверное, задаются вопросом – а причем там вообще L51, который был упомянут в дискуссии многократно? Я не знаю. На мой взгляд, L51 с упомянутыми вопросами напрямую не связан. L51 – это субклад, «параллельный» Z2103, в ямной культуре не найден. Но такие повороты в дискуссиях – дело обычное, когда историческая загадка не озвучена или не принимается во внимание, тогда идет «всё до кучи». Поэтому давайте договоримся – то, что Z2103 есть в Италии, но нет во Франции, как и то, что Z2103 есть в других местах в Европе, но нет в третьих местах, не дает никаких оснований ответить на исторические загадки, перечисленные выше. Не говоря о том, что эти Z2103 «идентифицированы» достаточно произвольно, об этом я уже писал. То это «прокси», то предсказаны, то почему-то в России этой «прокси» оказалось, как и в других местах, а на самом деле в России их явно больше, как показывают наши прямые данные – в общем, все это ненадежно, нужны прямые данные, нужны ископаемые Z2103 в Европе.

Я далек от того, чтобы сказать – ага, их нет, значит нет вообще. Это было бы неверно. Отсутствие доказательств не есть доказательство отсутствия. В любом случае, судя как по ископаемым R1b, так и современным R1b, подавляющее их большинство в Европе имеет пиренейское происхождение, а не ямное. Это пока то, что мы хотим узнать при наличии того, что имеем. Поэтому вопрос пока предлагаю закрыть, и не толочь воду в ступе.

Но R1b-L51 могут иметь прямое отношение к другой исторической загадке – как эрбины попали на Пиренейский полуостров около пяти тысяч лет назад. Я сейчас повторю свою версию, которую провожу уже несколько лет, но предлагаю тем, кто хочет оспорить, не идти по пути прежних мертворожденных «дискуссий», «критикуя» «по понятиям». Если есть своя версия – ее нужно последовательно изложить, дав обоснования. Тогда у нас будут две (или больше) конкурирующих версий, и это хорошо. Тогда будет с чем работать.

Итак, субклад L51 параллелен субкладу Z2103, оба отпочковались от субклада R1b-L23 (образовался примерно 6500 лет назад, по данным YFull, рассчитанным по снипам), Z2103 образовался, как и L51, 6300±700 лет назад (YFull, по снипам). Если посмотреть на Проект FTDNA по «базальным субкладам», там гаплотипы Z2103 висят гроздьями на Кавказе и Ближнем Востоке, но штука в том, что в тех регионах почти не делают 111-маркерных гаплотипов, поэтому надо смотреть и короткие гаплотипы. Может, потому в Италии много современных Z2103, потому что их предки могли добраться до Италии с Ближнего Востока, да и вообще Ближний Восток был в ближайшем обороте Римской Империи. Понятно, что тогда ямники там были совершенно не при чем, тем мигранты давно уже не были ямниками.

С субкладом L51 картина не менее сложная, а может, и более сложная. Дело в том, что субклад L51 образовался (примерно 6300 лет назад) задолго до ямников, как их понимают археологи. А от L51 отпочковался L151 (6300±700 лет назад), тоже до ямников. Похоже, те ямники, которых археологи фиксируют, это поздний хвост эрбинов, которые задолго до того уже ушли на Кавказ и на Ближний Восток. От L151 отпочковались пиренейские субклады – U106 и P312 (примерно 4900 лет назад, данные YFull по снипам), и от них масса нижестоящих, которые и заселили Европу как культура колоколовидных кубков и их потомки. Так что десятки тысяч современных европейских гаплотипов гаплогруппы R1b содержат в качестве вышестоящих субкладов L51 > L151. Собственно, исходя из этого я и предложил несколько лет назад североафриканский путь продвижения эрбинов от Ближнего Востока до Атлантики, и далее через Пиренеи в континентальную Европу. И не только исходя из этого, в пользу этого пути есть много других факторов – и лингвистических (вклад североафриканских языков в европейские), и генетических (опять



вклад северной Африки), и гаплотип Тутанхамона, который удачно попадает в древние гаплогруппы субклада M269, и маршрут центрально-африканских (Камерун, Чад) эрбинов со стороны Средиземного моря, видимо, с того же миграционного пути, около 5000 лет назад.

Так что миграция эрбинов была, судя по описанной картине, со стороны Сибири, через территории хвалынской и ямной культуры (но раньше принятых датировок тех культур), далее через Кавказ в Месопотамию (на Ближний Восток) в шумерские времена (образование L51 примерно 6300 лет назад, см. выше), далее в ходе продвижения с Ближнего Востока через Египет образовался субклад L151 (примерно 5800 лет назад), прибытие на Пиренейский полуостров около 5000 лет назад, образование субкладов U106 и R312 (примерно 4900 лет назад), положивших начало культуре колоколовидных кубков, которая и заселила Европу, практически уничтожив коренное население. Это и была гибель Старой Европы, о чем знают археологи и историки.

# ЛЮДИ ДОЛГА И ШУДРЫ: 1917 – 2017

А.Е. Федоров

*Если поговорил с шудрой-чандалой<sup>1</sup>,  
то покаяние – разговор с брахманом.  
«Апастамба-дхармасутра»*

*«Мы не свободны от самих себя»  
Л.Ш.*

Всё познаётся в сравнении. Если до событий 90-х гг. мы постоянно обращались к дореволюционному прошлому, и даже сравнивали экономику с 1914 годом, то сейчас, мы всё чаще и чаще смотрим на Советское прошлое с ностальгией. Не все конечно. В чём же причина, что многие, несмотря на массивное очернение советского прошлого в СМИ, видят в нём много хорошего? Об этом моя статья. Но прежде надо объяснить что такое «Люди Долга» и что такое «шудры».

Мы привыкли делить людей на умных и глупых, на образованных и необразованных, на богатых и бедных, «белых» и «чёрных», или «белых» и «красных». В марксизме людей делили по «классовому признаку». Этот подход остался донныне в гуманитарных науках.

Подходов к разделению людей очень много. Но есть среди них один, который сразу определяет «кто есть кто» и «что есть что». Это деление людей на тех, кто выполняет свой долг, и на тех, кто даже не знает что это такое. Такое разделение людей существует в любом обществе, а в Индии оно стало основой для разделения на варны (европейское название – «касты»).

Долг – это то, что человек должен делать, для чего Бог привёл его в этот мир. Зачем? – на этот вопрос отвечают по-разному, но все, кто живёт идеалами традиционного, т.е. религиозного общества, сходятся в одном – зачем бы я ни пришёл сюда, я должен выполнять свой долг. Понятие о долге – религиозное понятие, ведь, в сущности, любой наш долг, даже по отношению к семье, – это долг по отношению к Богу. Если «нет Бога», то нет и долга. Понятие о долге основывается на абсолютных моральных

18901890189018901890

<sup>1</sup> *Чандалы* – согласно дхармашастрам, «самые низкие из людей», сыновья, рождаемые женщиной-брахманкой от шудры, вайши или кшатрия; обобщённое название для неприкасаемых [1, с. 354].

ценностях. Если *добро* может «диалектически» перетекать в *зло*, и «всё на свете относительно», то долга нет. Так же как нет и Заповедей – всё позволено. – Во имя «идеалов» можно убивать, особенно если «идеалы высокие». Например, устроить *Исламское государство*, или организовать теракт, «бороться с царизмом» – расстрелять детей, как это сделали исполнители и организаторы расстрела Царской семьи. Можно и слуг расстрелять – идеалы-то «высокие».

В зависимости от того, какой долг исполняют люди, в Индии они делятся на 4 варны: брахманов, кшатриев, вайшьев, шудр. Три первые варны («дважды рождённые») резко противопоставляются последней. Люди этих варн обязаны делать то, что от них требует долг, и за уклонение от этого исторгаются из варн и переходят в разряд шудр. Шудры обладают полной свободой. У них нет никакого долга, единственное, что от них требуется – это служить высшим варнам. В остальном они свободны – у них нет моральных обязательств, им всё позволено. И многие из них *всё себе позволяют* – сейчас в Индии отмечается резкий рост алкоголизма, и сексуальных насилий, но это происходит только у шудр.

Если шудре можно всё, то жизнь «дважды рождённых» строго регламентирована и трудна, особенно жизнь брахманов. Брахман обязан изучать Веды – это его священная обязанность, обязан совершать богослужения и очищения. Если на его еду посмотрит шудра, он не имеет права её есть – она осквернена. Брахман не имеет права пить вино, есть мясо, он может жениться только на брахманке. Он не имеет права даже смотреть на женщину нецеломудренно. Он не может лгать.

Принадлежность варнам не связана с социальными слоями – есть очень бедные брахманы, и очень богатые шудры. Есть шудры окончившие университеты, есть шудры, занимающие высокие административные должности. И, наоборот – многие брахманы имеют невысокий общеобразовательный уровень (однако они знают Веды!), занимают низкие административные должности, часто бывают небогаты. Но они пользуются авторитетом среди населения и к ним обращаются для разрешения трудностей жизни. Шудры авторитетом не пользуются.

Индийская система деления на варны возникла в незапамятные времена. И сначала, как говорится в древних книгах, когда все люди выполняли свой долг, варн не было. Но постепенно люди начали уклоняться от исполнения долга и возникли варны. Первоначально переход из варны в варну был достаточно прост – в Махабхарате сказано, что шудра выполняющий долг брахмана становится брахманом. Существовали обряды посвящения в брахманы людей из других варн.

Своеобразная система варн существовала и в России. Были сословия: потомственное духовенство (брахманы), дворянство (кшатрии), крестьяне и купцы (вайшьи). Эти социальные группы необходимы в любом обществе. Смещение варн, смешение сословий, неизбежно ведёт к распаду общества, его упрощению, вырождению, и гибели. В Индии считается, что когда перед концом Мира наступит последний период «Кали-юга», то произойдёт смешение варн.

Для того, чтобы читатели лучше поняли, о чём идёт речь, назову некоторых Людей Долга и некоторых типичных шудр.

Людьми Долга были: герои повести А.С.Пушкина «Капитанская дочка» Пётр Гринёв и капитан Миронов, Митрополит Пётр (Полянский) (см. [2]) и все Новомученики Российские, Архиепископ Лука (в миру Валентин Феликсович Войно-Ясенецкий) – известный хирург, Патриарх Гермоген, князь Александр Григорьевич Щербатов (см. [7; 8]) и его сын кн. Александр Александрович (см. [5; 6]), Юрий Васильевич Кондратюк, Зоя Космодемьянская, Молодогвардейцы, добровольцы Народного Ополчения, ликвидаторы Чернобыля. Людьми Долга – созидателями, были многочисленные инженеры, рабочие, крестьяне – все, кто выполнял свой долг, т.е. делал то, что судил делать Бог.

Назову общеизвестных шудр. Это Смердяков из романа Ф.М.Достоевского «Братья Карамазовы», это Швондер и Шариков из повести Михаила Булгакова «Собачье сердце», это декабристы, изменившие присяге, Мазепа нарушивший клятву, связанную крестным целованием, большинство представителей второй и последующих волн эмиграции из России.

Человек Долга страдает, когда он лишён возможности исполнять долг, жизнь для него теряет смысл – в этом причина трагедии многих людей в период Перестройки. В этом и причина ностальгии по СССР у людей старшего поколения. Либералам-«мемориальцам» этого не понять – потомки шудр делавших революцию, и сами шудры, они понимают только деньги, на которые можно устроить «добробыт» – сытую, беспечную жизнь со «всеми удовольствиями», а главное – жить не работая. – Человек Долга не работать не может, шудра – принципиальный паразит.

Вот уже более 200 лет идёт борьба «За свободу». Все революции XVIII – XXI вв. шли и идут под этим лозунгом. Но понимание *Свободы* у Людей Долга и у шудр абсолютно разное. Для Людей Долга *Свобода* – это возможность исполнять свой Долг. Для шудр – это возможность полностью отказаться от долга и морали – т.е. «делать что хочу», или «ничего не делать», но при этом иметь всё.

Что свойственно Человеку Долга? Человек Долга служит Государству, семье, воспитывает детей. Он хочет лишь одного – иметь возможность исполнять свой Долг. За это приходится порой и бороться. Человек Долга считает «добро» и «зло» абсолютными понятиями, которые не могут соединяться, и уж тем более переходить друг в друга «при определённых обстоятельствах».

В конце индийской книги о Долге «Апастамба-дхармасутре» сказано: «Знание ... *шудр* – завершение всего знания». Поэтому остановлюсь на некоторых «отличительных признаках» шудр.

Прежде всего, надо заметить, что шудры разнообразны – это и люди, занимающие высокие посты, люди порой весьма представительные, богатые, с дипломами вплоть до академических, и – бомжи, хиппи, уголовники. Шудры бывают очень умными и образованными, с прекрасными манерами, бывают – глупыми, тёмными и невежественными. Но всех их объединяет одно – отсутствие чувства долга и моральных ограничений.

Шудра «всегда прав», ему «всё позволено», ему «все всё должны» – государство, родители, супруг, или супруга, дети – он же никому ничего не должен. Шудра лишён чувства благодарности и уважения к кому бы то ни было. Он обидчив и мстителен, и не знает, что такое прощать. Ради достижения своих целей он способен на всё – продажность, готовность изменить – неотъемные его свойства. Тем, кто сильнее – он угождает, тем, кто слабее – хамит. Шудра постоянно борется за свои «права», всё критикует и всем недоволен. Нравственные абсолюты им отвергаются начисто – для него всё относительно: *добро* – это *зло*, а *зло* – это *добро* – в зависимости от его, шудриных, интересов. Ложь и сила – основа его жизни. Он и понимает только язык силы, – смирение, уважительное отношение воспринимаются им как *слабость*. А слабого надо унижить – это возвышает его в своих глазах.

Шудры никогда ничего не создают, они не в культуре, а в халтуре. Их всегда с избытком в непроизводственных профессиях: финансах, торговле, журнализме, шоу-бизнесе.

Мечта российского шудры – влиться в мировую паразитическую систему – *интернационал шудр*, и жить в Париже, Лондоне или Америке. Он ненавидит Россию. Ненавидит просто потому, что он шудра. – В России, в отличие от Запада, шудру считают не «передовым и современным», а именно *шудрой*.

События 1917 года были подготовлены и осуществлены шудрами. Шудрами были царские генералы, нарушившие присягу (т.е. свой долг),

предавшие Царя в марте 1917 года. Шудрами были все члены Временного правительства – они же все члены масонских лож. Шудры организовали октябрьский переворот и разрушили Российскую империю.

У всех этих людей начисто отсутствовало чувство долга. Кто активно поддержал их? – маргинальные элементы города и деревни (в деревне опорой большевиков были дезертиры и бездельники) и интеллигенция. На первый взгляд кажется странным, что в одном лагере оказались подонки и «образованные» люди. Но это только на первый. И те и другие порвали с традицией – одни из-за своей аморальности, другие из-за гордыни ума. Любая традиция ограничивает человека, а шудре нужна свобода.

История СССР – это, в сущности две истории – одна история Людей Долга – тех, кто созидал, кто восстанавливал страну после Гражданской войны, укрепил оборону, защищал Родину во время Великой Отечественной войны, осваивал Космос. Другая история – это история шудр – швондеров и шариковых. Это они писали доносы, гнобили людей в лагерях<sup>2</sup>, предавали Родину во время войны – более миллиона советских шудр служили в немецкой армии. Люди Долга генералы Дмитрий Михайлович Карбышев, Михаил Фёдорович Лукин, Иван Ефимович Петров защищали страну, а шудры власовы и красновы воевали с советскими солдатами, верными Долгу. Они стреляли не в Сталина и его окружение, а в простых мужиков, в карательных экспедициях убивали русских детей, стариков и женщин.

Но шудры не способны создать государство, не способны защитить его. И потому те из них, кто был поумнее, поняли, что для самосохранения им нужны Люди Долга. Даже на бытовом уровне – ведь не пойдёшь делать операцию к швондеру или шарикову. Вот и понадобились Преображенские (врач из повести «Собачье сердце»). Пришлось повернуться лицом к русской культуре, которую они гнобили все 20-е гг. Другой не было – не на бесписьменных же языках создавать атомную промышленность – Уолл-стрит уже готовил удары по СССР. В 30-е годы «разрешили» П.И.Чайковского и А.С.Пушкина, ввели в школьную программу русскую историю, заговорили о патриотизме, о долге, о совести. Возникли творческие союзы – композиторов, архитекторов, писателей. Осенью 1942 года были упразднены комиссары, а в 1943 году вернулись к «офицерству» и к «дореволюционным» погонам. Провели выборы Патриарха и разогнали Союз безбожников. Была создана общедоступная система образования и профессионального обучения. Система очень высокого уровня, позволившая построить мощное государство. Любой человек в СССР мог

---

18901890189018901890

<sup>2</sup> См., в частности [13].

получить высшее образование и овладеть той профессией, которая была ему по душе.

И Люди Долга получили возможность исполнять Долг. А это для них – главное. Шудрам этого не понять. – Их лозунг периода СССР – «Они делают вид, что нам платят, а мы делаем вид что работаем» (*они* – это правительство). Люди Долга смотрели на жизнь иначе. Они работали и тогда когда им не платили, и даже сами готовы были платить за возможность работать. Мы работали в геологии не ради денег – нам было интересно работать, и мы знали, что работаем для своей страны. Это было главным, а не коэффициенты, надбавки и проч. Это хорошо показано в фильме «Территория».

Среди Людей Долга были коммунисты и комсомольцы – они видели, что Партия на их стороне и вступали в неё. Комсомолкой была Зоя Космодемьянская, коммунистом – генерал Матвей Кузьмич Шапошников, отказавшийся выполнить приказ ЦК КПСС о подавлении танками выступления рабочих в Новочеркасске в 1962 году.

История СССР не является целью настоящей публикации. Отмечены основные моменты, и достаточно. Цель – обратить внимание на то, что не было никакого «ужасного СССР» – было государство Людей Долга, которыми, к несчастью, управляли шудры, в конце концов предавшие его (это им свойственно) – шудра Горбачёв сдал страну Америке.

Поэтому, мы, Люди Долга можем гордиться своим прошлым, и не только СССР, но и дореволюционной Россией. Мы на протяжении столетий удерживали Мир от шудризации. Мы открыли эру Космоса, мы победили фашистскую Европу в 1945 году. Нами были сделаны замечательные открытия. Но главное – мы могли жить, выполняя свой Долг – т.е. мы были по настоящему свободны. Память о нашем прошлом мы должны передать нашим детям и внукам.

Люди, приученные смотреть и думать в соответствии с «классовым подходом» часто говорят, что были «искренние коммунисты», которые хотели всем людям добра, что идея была хорошая, и нужно ещё раз попытаться её осуществить – построить общество на коммунистических идеалах. Однако, согласиться с этим нельзя. Всё, что было хорошего в СССР, было создано Людьми Долга – а люди эти, партийные или беспартийные, продукт не коммунистического, а традиционного воспитания, основывающегося на религии. Коммунистическая, т.е. революционная этика, неприемлема для верующих людей. Приведу слова Человека Долга – митрополита Петра (Полянского), сказанные им на допросе в ГПУ: «Социальная революция строится на крови и братоубийстве, чего Церковь признать не может. Лишь война ещё может

быть благословлена Церковью, поскольку в ней защищается отечество от иноплеменников и православная вера» [2].

Безусловно, были среди активных революционеров и искренние люди, но не они составляли основу этого движения. В большинстве своём таких людей просто использовали те, кто боролся за свои, шудринские интересы.

О тех, кто занимался политикой в XX веке прекрасно написал Клаус Фритцше – немецкий лётчик, стрелок-радист, посвятивший свою книгу «тем простым русским людям, которые проявили человечность и милосердие к пленным немцам»:

«Вернувшись из плена на родину, политически активную часть человечества я стал подразделять на три категории:

1-я категория – верующие в правдивость идеи. Из них выжимают последний сок, ими жертвуют в боях и для пропаганды, с них взимают последнюю копейку для финансирования борьбы за власть. Они, в конце концов, остаются в дураках, несмотря на то, что по характеру они добрые и справедливые.

2-я категория – верующие в целесообразность присоединения к движению. Правдивость идеи им не важна. Все сомнения на этот счёт молча проглатываются. Они разговаривают на языке властителей, закрывают глаза на явные преступления своего лидера, молча одобряют смертный приговор лучшему другу, делая всё это во имя своей карьеры.

3-я категория – борющиеся за верховную власть. Первое условие для проникновения в этот круг полубогов – готовность к убийству своих собственных родителей и лучшего друга во имя цели овладеть властью и сохранить её за собой.

Подобно миру красок, где тысячи оттенков являются результатом смешивания трёх цветов – жёлтого, синего и красного – так и в политическом мире есть переходные формы между смежными категориями. Но политически активный человек должен знать, что хочет он этого или нет, рано или поздно окажется в одной из этих категорий» [9].

Революции 1917 года были одним из этапов борьбы банковской «закулисы» США за мировое господство. План свержения монархии и расчленения России был подготовлен на Уолл-стрит задолго до этих событий (см. [11; 12]). – В России создавалась и финансово поддерживалась оппозиция – масонские, либерально-демократические,



социалистические, революционные организации<sup>3</sup>. Финансировались различные издания, проводящие идеи «Свободы», «Прогресса», «Безбожия». То есть, разлагавшие население, вытравлявшие мораль и чувство долга, постепенно превращавшие людей в шудр.

Весной 1917 года из США в Россию прибыли «начальники». Один из них – Лев Троцкий<sup>4</sup>, тесно связанный с Уолл-стрит (см. [10]), получивший гражданство США в 1916 году лично от президента Вильсона.

Тесно связан с «Уолл-стрит» был и организатор убийства Царской семьи – Яков Свердлов, имевший большое влияние в уголовном мире (см. [4]). В марте 1918 года президент США Вильсон послал на его имя приветственную телеграмму открывшемуся в Москве съезду Советов. Родной брат Якова – Зиновий, усыновлённый М.Горьким, и ставший Пешковым, крупный масон, поддерживал отношения с американским банкиром Я.Шиффом, и принимал участие в подготовке государственного переворота против Государя – он был посредником между масонскими кругами Франции и революционными кругами в России. Не случайно, летом 1917 года, капитан французской армии Зиновий Пешков был назначен представителем Франции при правительстве Керенского. Когда большевики пришли к власти, французы послали в Москву именно Зиновия, и он имел встречу «по служебным делам» со своим братом Яковом. О чем шёл разговор неизвестно, но летом 1918 года Пешков направляется в Сибирь, становится военным советником при Колчаке в военной миссии генерала Мориса Жанена, влиятельного масона.

Другой брат Якова – Вениамин Свердлов, проживая в США, был сотрудником банка «Кун, Лёйб и Ко» и доверенным лицом банкира Якова Шиффа. В 1918 году Вениамин вернулся в Россию, и был определён к Дзержинскому в Наркомат путей сообщения.

Ленин, двойной агент, получал деньги с той же «Уолл-стрит» (см. [12]) через стокгольмский банк «Ниа-банк», созданный в 1912 году крупнейшим германским банкиром (и одновременно одним из руководителей немецкой разведки) Максом Варбургом, родной брат которого Пол Варбург, стал вице-президентом Федеральной резервной системы США.

Эти шудры, стоявшие во главе страны, проводили политику «Уолл-стрит».

18901890189018901890—————

<sup>3</sup> Идеологии, лежавшие в основе деятельности этих организаций, старательно обходили вопрос о том, как будет устроено общество после победы. – Главное – победить, а потом народ выберет «лучших». Кто стал «лучшими» мы знаем из истории СССР. То есть, в сущности, все эти идеологии, включая марксистскую, были созданы исключительно для захвата власти.

<sup>4</sup> В 1918 году из США прибывает адмирал Колчак и мгновенно становится «Верховным правителем России». Прибыл он в американской военной форме.

В 50-е – 60-е гг. правители СССР, связанные с мировой «закулисой», приступили к осуществлению плана Даллеса, и прежде всего, возобновили борьбу с религией. Постепенная шудризация населения, оторванного от Бога, позволила им осуществить переворот 1990-х гг.

Пришедшие при поддержке США к власти шудры тут же начали с уничтожения нравственных абсолютов. Бжезинский тогда писал: главное условие нашей победы в России – сокрушение Русской церкви.

Был брошен лозунг: «Всё что не запрещено законом – разрешено». Законом человеческим, который можно менять в любую сторону. Кража государственного имущества сделалась нормой, даже в СМИ давались рекомендации, как обойти законы и положить в карман. Началось уничтожение системы образования и профессиональной подготовки. Если в Советское время героями были Люди Долга – о них писали, снимали фильмы, то теперь героями стали воры, бандиты, проститутки и все те, кто может «хорошо цапнуть».

Вот уже четверть века страшную ненависть шудр вызывает период 30-х – 50-х годов, период, в который произошло возрождение русской культуры, когда Люди Долга получили возможность исполнять долг. Люди Долга считают этот период расцветом страны.

Сейчас в СМИ раздаются голоса о том, что нам необходимо общее примирение – уравнивать «красных» и «белых», «революционеров» и «монархистов», поставить всем общий памятник, и признать всех «идеалистами и патриотами». Как всегда кивают на Европу – в Испании примирились. Уже установили памятную доску фашисту Маннергейму<sup>5</sup> в С.-Петербурге – надо и с фашистами примириться, тем более, у Маннергейма были до 1917 года заслуги перед Россией. Осталось поставить памятник Мазепе – герою Азовского похода.

Но всё дело в том, что в отличие от европейских революций и гражданских противостояний, в России вопрос имел религиозные, а не экономические истоки. Там сражались друг с другом шудры – за материальное благополучие. Здесь – противостояние Абсолютных нравственных ценностей и антиценностей – *Добра и зла*, примирение которых невозможно<sup>6</sup>. *Добро* никогда не может примириться со *злом*, а *зло*

18901890189018901890

<sup>5</sup> 1939 – 1944 верховный главнокомандующий армии Финляндии, фактический руководитель страны – Гитлер лично к нему обратился за разрешением ввести войска в Финляндию. С августа 1944 г. – президент Финляндии. За заслуги перед Германией награждён Рыцарским Крестом (1942 год) и Дубовыми ветвями к Рыцарскому Кресту (1944 год). В финских концлагерях, где содержались на территории Карелии этнические русские, от голода погибло по разным оценкам от 4000 до 14000 гражданских лиц. Зверства финнов (армейцев) на оккупированной территории превосходили даже немецкие.

- с *Добром*. То, что уже давно стало нормой на Западе совершенно неприемлемо для носителей русской культуры (см. [14]).

Да и о каких нравственных Абсолютах западноевропейской цивилизации можно говорить? В языках Западной Европы нет слова «совесть» (раз нет слова, то нет и понятия) [14], ложь стала нормой политической жизни. В Хорватии католическая церковь не просто поддержала усташей, устроивших геноцид сербов, но священники и монахи лично убивали людей. Кардинал Алоизий (Степинац), архиепископ Загреба активно помогал усташам, благоволил им и папа Пий XII. В 1988 году папа Иоанн Павел II причислил Степинаца к лику «блаженных». В Словакии профессор теологии священник Тисо возглавил фашистское правительство (1938 - 1945 гг.), был лично ответственен за смерть десятков тысяч людей, казнён в 1945 году, но сейчас среди католического духовенства раздаются голоса о его реабилитации, как жертвы советского режима. На Украине униатское духовенство сотрудничало с фашистами. Митрополит Андрей (Шептицкий) лично участвовал в формировании дивизии СС «Галичина». В настоящее время проходит процесс его беатификации – причисления к лику блаженных Католической церкви.

Французы, голландцы, чехи, бельгийцы – приняли в 1939 – 1940 годах «новый порядок», и с полной отдачей работали на оккупантов – никакого массового сопротивления (придуманного в советское время) в действительности не было.

В Германии времён III рейха простые обыватели покупали изделия из кожи людей. И золу из крематориев лагерей смерти – на удобрение полей. Немецкие учёные и преподаватели использовали в качестве экспериментального и учебного материала узников концлагерей – опыты и занятия со студентами часто оканчивались умерщвлением «подопытных». После войны западноевропейские суды не нашли в этом состава преступления.

---

<sup>6</sup> Глубокое непонимание событий 1917 года и последующей Гражданской войны вызвано тем, что все эти события рассматриваются исключительно как явления материального мира. А это явления духовные. Но даже в материальном мире это не была война «белых» (монархистов и православных) и «красных», а война «красных» и «розовых» – по своим методам они мало чем отличались друг от друга. Лидеры тех и других сотрудничали с мировой закулисой, интересы тех и других лежали преимущественно в материальном мире. Единственное принципиальное отличие – так называемые «белые» не кощунствовали, не убивали священников и прихожан, не грабили церкви.

В действительности же это была борьба Абсолютных ценностей и антиценностей в душах человеческих, чего участники событий в большинстве своём не осознавали. Эта внутренняя борьба приводила к принятию той или иной политической точки зрения в зависимости от конкретной ситуации и духовной зрелости. Порой точки зрения менялись, и человек переходил от одних к другим. Это случалось довольно часто. И лишь много позже Гражданской войны возник миф, что носителем Абсолютных ценностей было белое движение, а антиценностей – красное.

В 90-е годы началась подготовка нашей страны к «новому мировому порядку», создаваемому Уолл-стрит.

Суть порядка состоит в следующем: наверху кучка богатых негодяев – банкиров США, рядом – обслуга, и внизу – трудовой ресурс – шудры – «планктон», у которого не должно быть ни нравственных абсолютов, ни истории, ни языка, ни культуры («Массовую культуру», созданную для шудр, культурой назвать нельзя). Шудрами легко управлять – они внушаемы и продажны, а в случае переизбытка спокойно уничтожают друг друга.

Для осуществления этой схемы в Мировом масштабе, в 60-е – 70-е гг. в западных странах был запущен проект массовой шудризации молодёжи. Известно, что в возрасте 12 – 15 лет дети отходят от семьи и авторитетом для них становятся сверстники. Это и было использовано, и используется до сих пор – созданы и продолжают создаваться специальные программы, включающие издания, фильмы, передачи разлагающие подростков. Так было сформировано новое отношение к жизни у нового поколения, приведшее сейчас уже к однополым бракам, эвтаназии, свободной продаже наркотиков, запрету на собственное мнение, лишению родительских прав тех, кто пытается этому противостоять.

Продвигают новый мировой порядок шудризованные политики, запросто уничтожающие, без всяких угрызений совести и сомнений, сотни тысяч людей – вспомним Хиросиму и Нагасаки, войны устроенные США в Ираке, Ливии, Сирии. Из «демократических» устремлений, ради устранения якобы «бесчеловечных режимов» убиты сотни тысяч людей – на порядки больше того, что приписывается устраняемым «злодеям-правителям».

На очереди стоит ликвидация России – сейчас лишь она мешает господству американских банкиров – люди, живущие в ней, всё ещё сохраняют представление о нравственных абсолютах. Именно отказа от них и требует у нас сегодня так называемый Запад, а по существу, Уолл-стрит, т.к. Западная Европа никакой самостоятельной роли уже не играет. Сейчас она просто уничтожается – заселяется так называемыми «мигрантами». Процесс этот организован США и проплачен. Прибывающие в Европу мигранты – типичные шудры, лишённые каких бы то ни было культурных традиций – единственное, что их интересует – это *пособие и ничего не делание*.

И всё же, нам не следует унывать. На извечный вопрос Что делать? Есть только один ответ: Выполнять свой долг. Всё остальное – как Бог управит.

В 1925 году, незадолго до ареста митрополит Петр (Полянский) записал свои мысли о предстоящем ему пути: «Меня ожидают труды, суд

людовой, скорый, но не всегда милостивый. Не боюсь труда – его я любил и люблю, не страшусь и суда человеческого – неблагоклонность его испытали не в пример лучшие и достойнейшие меня личности. Опасаюсь одного: ошибок, опущений и невольных несправедливостей, – вот что пугает меня. Ответственность своего долга глубоко сознаю. Это необходимо в каждом деле, но в нашем – пастырском – особенно. Не будет ни энергии, ни евангельской любви, ни терпения в служении, если у пастырей не будет сознания долга» [2].

Слова священномученика Петра (Полянского) относятся ко всем Людям Долга.

Автор благодарит А.В.Рачинского за ценные замечания, дополнения и обсуждение статьи; Л.П.Грот за обсуждение рассмотренной темы.

### Литература.

- 1. Апастамба-дхармасутра. Апастамба-грихьясутра. Мантрапатха /** вступ. ст., пер. с санскрита, коммент., прил. Н.А.Корнеевой. –М.: Наука – Вост. Лит., 2015, 438 с. – (Памятники письменности Востока. CXLV / редкол.: А.Б.Куделин (пред.) и др.).
- 2. Коскелло Анастасия.** Священномученик Петр (Полянский): недипломатичный архиерей. // Pravmir.ru Православие и мир. (10 окт. 1912 г.). Электронное издание, сайт: <http://www.pravmir.ru/svyashhenomuchenik-petr-polyanskij-nediplomatichnyj-arxierej/>
- 3. Махабхарата. Книга третья. Лесная (Араньякапарва).** Пер. с санскрита, предисловие и комментарий Я.В. Василькова и С.Л.Невелевой. –М.; Главная редакция восточной литературы издательства «Наука», 1987, 799 с.
- 4. Мультагули Пётр.** Чёрное семейство: Яков Свердлов и его братья. Покаяние.ru (8 марта 2015) (Электронное издание) (сайт: <http://www.pokaianie.ru/article/masons/read>)
- 5. О войне, любви и вере: Переписка князя Александра Щербатова со своей невестой княжной Софьей Васильчиковой 1904 – 1905 гг. //** Сост. А.Е.Фёдоров, И.Г.Менькова, Д.А.Меньков. –М.: Изд-во ПСТГУ, 2008. –544 с. (сайт: <http://www.sherbatovo-hram.ru/index.php/library.html>).
- 6. Чистяков В. Н.** «Первое есть служба». // Под самым прекрасным флагом. Сборник исторических миниатюр и повестей. –М.: Русская панорама», «Техинвест-3», 2011, с.367 – 392 (первая публикация: Альманах «Марьино». Вып. 5. М., 2000. С. 92–120).

**7. Фёдоров А.Е.** Князь Александр Григорьевич Щербатов. Размышления над биографией. //Марьино, (вып. 5), -М., 2000, с. 49 – 91.(так же в кн.: Щербатов А.Г. “Обновлённая Россия” и другие работы. – М., “Русская панорама”, 2002, с. 356 – 389).

**8. Щербатов А.Г.** «Обновлённая Россия» и другие работы. – М., «Русская панорама», 2002. (сайт: <http://www.sherbatovohram.ru/index.php/library.html>).

**9. Фриттше Клаус.** Вынужденная посадка: записки немецкого военнопленного (-М., 2006).

**10. Чавчавадзе Елена.** «Лев Троцкий. Тайна мировой революции». Документальный фильм (2007). /реж. Галина Огурная).

**12. Стариков Николай.** 1917. Разгадка «русской» революции. – СПб.: Питер, 2012. – 416 с.

**13. Головкина Ирина Владимировна (Римская-Корсакова).** Победенные. –М.: Имперская традиция, 2004.

**14. Фёдоров А.Е.** Ценности, которые невозможно объединить. Славяно-Арийский мир и Западная Европа // Система Планета Земля: 200 лет Священному союзу (1815 – 2015). –М.: ЛЕНАНД, 2015, с.35 – 63. (Сайт: <http://nadisa.org>).

Опубликовано в: Система Планета Земля, -М.: ЛЕНАНД, 2017

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Part 83

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

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

### ПИСЬМО 283

Моему двоюродному брату по отцовской линии недавно из московской лаборатории ДНК-генеалогии прислали 26-маркерный гаплотип. его Y-хромосомы. Я из любопытства сравнил его маркеры со своим 111-маркерным гаплотипом, определенным в FTDNA (отбросив DIS627, DIS518, DYF387S1, как не входящие в Y111 FTDNA), предполагая, что у остальных соответствующих маркеров числа совпадут. Но оказались два отличия на единичку: одна в DIS391, другая в YGATAH4.

Нет ли здесь лаборантской ошибки с той или с другой стороны, так как получается какое-то нелепое время жизни первого общего предка - 500 лет?

Наши отцы 1921 и 1926 гг. рождения. Год рождения деда неизвестен, а год смерти 1933.

### МОЙ ОТВЕТ:

Лабораторная ошибка маловероятна (хотя не исключена, нет ни одной лаборатории в мире, в которых не делали бы ошибки, в том числе и в FTDNA), и мы делали немало контрольных проверок, всегда получали подтверждение с независимыми данными. В данном случае вопрос решается довольно просто - в маркере GATA H4 число в системе FTDNA должно быть на единицу ниже, чем в 17-, 18- и 23-маркерных гаплотипах, в которых расшифровка результатов теста проходит по другой системе. Так что остается одна мутация - в DYS391. Для двоюродного брата это вполне может быть. Одна мутация может произойти в любом поколении.

В целом же Ваш случай совершенно обычный. Многие путаются с маркером GATA H4, который, как уже замечено, различается на единицу

в разных номенклатурах. А то что произошла одна мутация - обычное дело, это иногда происходит и при переходе от отца к сыну. У Вас же более протяженная связь - с дедом, и то не напрямую, поэтому вероятность мутации больше.

#### **ПИСЬМО 284**

Мы узнали, что у Вас в клинике в Бостоне можно проверить свою гаплогруппу, узнать, кто были предки. Мы живем в Калифорнии и хотели бы заказать такой анализ на проверку ДНК. Сообщите, пожалуйста, адрес страницы в интернете, где можно было бы оплатить и заказать кит для сбора слюны на анализ. Благодарю заранее за Ваш ответ!

#### **МОЙ ОТВЕТ:**

Это не в Бостоне, это в Москве уже больше года работает Лаборатория ДНК-генеалогии при Академии ДНК-генеалогии <http://dna-academy.ru/test/>. Ставлю директора в копию (кандидат исторических наук Меркулов Всеволод Игоревич), [info@dna-academy.ru](mailto:info@dna-academy.ru)

Вам проще обратиться в компанию FTDNA <https://www.familytreedna.com/products>, это Техас и Аризона. Правда, там есть минус - в Москве проводят детальную персональную интерпретацию результатов теста, что больше никто в мире не делает. Из FTDNA Вам пришлют просто ряд цифр, и разбирайтесь сами. Так что там и там есть свои плюсы и минусы.

Есть и другой вариант, который в данном случае может оказаться оптимальным - закажите тест в FTDNA, желательно протяженный 67-маркерный гаплотип, или, если есть возможности, то 111-маркерный, и при получении результатов обратитесь в Академию ДНК-генеалогии за интерпретацией.

#### **ПИСЬМО 285**

Так сложилось, что в возрасте 1-года я был усыновлён, в дальнейшем я нашёл своих родных, но в то время в Москве те, кто пережил 1930-е годы, не охотно рассказывали о своих сословиях. Родился я в Москве в 1954 году, и с сейчас пытаюсь в законном порядке через суд получить право на тайну усыновления. Пока это не удаётся, и поэтому обращаюсь к вам. Я знаю фамилию моей матери (1931 г/р), и, как говорит интернет, древние корни фамилии можно обнаружить в списке переписи Всея



Руси в период царствования Иоана Грозного. У правителя имелся особенный реестр княжеских и благозвучных фамилий, которые давались приближенным только в случае похвалы или поощрения. Тем самым данная фамилия донесла личное неповторимое обозначение и является редкой. Мой дед родился в 1900 году в Западно-Сибирском крае, был арестован и расстрелян в 1937 году на Бутовском полигоне НКВД под Москвой. Не реабилитирован. Сообщаю нумерацию материалов из Архивного дела, место хранения дела - ГУВД по МО (прим. Редактора - детали опущены).

По активному противостоянию суда и Управления ЗАГСа напрашиваются выводы об определённом родстве к Российской Монаршей династии.

### **МОЙ ОТВЕТ:**

Вы обратились в Академию ДНК-генеалогии. Академия оперирует четкими данными, а именно результатами анализа ДНК.

Понятиями типа "как говорит интернет" мы не занимаемся, и Вы это определенно понимаете. Интернет много о чем говорит, и в огромном количестве случаев это остается разговорами.

Аналогично, то, что "древние корни фамилии можно обнаружить в списке переписи Всея Руси" тоже не является для нас информацией без соответствующих личных и архивных данных, относящихся именно к Вам. То, что фамилия Вашей матери является редкой, может помочь в архивных поисках, но сама по себе она мало о чем говорит. Например, ту же фамилию носил архиепископ (фамилия опущена) 1886-1970, родился в Нижегородской губернии.

Аналогично, Ваши слова "напрашиваются выводы об определённом родстве к Российской Монаршей династии" делу не помогают, они пока являются информационным шумом. Без конкретных данных и документальных доказательств они ничего не дают. Скорее, мешают.

То, что фамилия Вашей матери - (...), не говорит о том, это фамилия по мужу, или ее девичья фамилия. В обоих этих случаях поиск Вашей линии по ДНК является совершенно различным.

Если Вы хотите сделать анализ на ДНК, это технически несложно, но пока не ясно, что это даст в Вашем конкретном случае. В принципе, можно обнаружить других людей, определенные характеристики которых по ДНК сходны с Вашими, и это может помочь Вашим поискам, но гарантии, что такие люди обнаружатся, никто дать не может. Это

могут оказаться Ваши близкие родственники, или весьма удаленные родственники, или родственники вообще не обнаружатся. К этому надо быть готовым, и на ДНК тест не возлагать особых надежд.

Желаю удачи,