

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy**

Boston-Moscow-Tsukuba

**Volume 10, No. 6
June 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 8. <i>А.А. Клёсов</i>	1901
Курс лекций по практической ДНК-генеалогии. Иллюстрации. Лекция 9. <i>А.А. Клёсов</i>	1909
Этот путаник Клейн... «Вхождение» Л.С. Клейна в ДНК-генеалогию <i>А.А. Клёсов</i>	1917
Шквал новых данных в начале 2017 года по молекулярной истории человечества. <i>А.А. Клёсов</i>	1941
«Широкогеномная» популяционная генетика на марше. <i>А.А. Клёсов</i>	1997
Пушкин, Ратша и Бог Папа. <i>Б.И. Попов</i>	2037
The Kushan Word $\eta\text{pAKI}\Lambda\text{O}$. <i>V. D. Osipov</i>	2061
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 84, письма 286-289.	2063

Курс лекций по практической ДНК-генеалогии.

Иллюстрации. Лекция 8

Анатолий А. Клёсов

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

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

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 8

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

**Лекция 8
Расчетные методы
ДНК-генеалогии**

**Константы скоростей мутаций в
маркерах и гаплотипах (снип-мутаций
и стир-мутаций).**

Переходим к определениям констант скоростей мутаций в гаплотипах

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29

**В 3466 гаплотипах гаплогруппы R1b-L21 частота
встречи аллели в DYS393:**

11 – 2	Всего 232 мутации
12 – 81	
13 – 3237	$232/3466/134 = 0.00050$ мут/поколение
14 – 145	
15 – 1	Принятая величина 0.00059 мут/поколение

Здесь 134 – это число условных поколений (условное поколение равно 25 лет) до общего предка современных носителей гаплогруппы-субклада R1b-L21, которое следует использовать в этих расчетах. На самом деле там число поколений больше, это выясняется при введении поправки на возвратные мутации, но это поправки делаются только после завершения основных расчетов, показанных в виде $232/3466/134$ на слайде выше. Если мы начнем вводить поправки в ходе расчетов, это приведет к безнадежной путанице.

Иначе говоря, суммарное число мутаций (232 в данном случае), в серии гаплотипов (3466 в данном случае), используемое при расчетах, является заниженным (часть мутаций вернулись к исходным аллелям, и поэтому «невидимы» при их подсчетах), и если мы еще к тому же будем использовать завышенное число условных поколений до общего предка, даже если мы его определили из независимых источников или расчетов, то получим явно заниженную величину константы скорости мутации.

Посмотрим, откуда появилась величина 134 условных поколений до общего предка, и какой она на самом деле является (152 условных поколения, то есть 3800 лет до общего предка современных носителей гаплогруппы R1b-L21). Для этого возьмем все 3466 гаплотипов, но в более точном 111-маркерном формате. Общее число мутаций там 92120,

что дает $92120/3466/0.198 = 134 \rightarrow 152$ условных поколений, или 3800 ± 380 лет до общего предка. Как видим, поправка на возвратные мутации в данном случае составляет 1.134, и число мутаций в серии из 3466 гаплотипов в 12-маркерном формате должно быть равно не 232, а $232 \times 1.134 = 263$ мутации.

Частоты мутаций в гаплотипах

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29

**В 3466 гаплотипах гаплогруппы R1b-L21 частота
встречи аллели в DYS390:**

21 – 3	Всего 1165 мутаций
22 – 22	
23 – 228	$1165/3466/134 = 0.00250$ мут/поколение
24 – 2364	
25 – 815	Принятая величина 0.00220 мут/поколение
26 – 33	
27 - 1	

Частоты мутаций в гаплотипах

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29

**В 3466 гаплотипах гаплогруппы R1b-L21 частота
встречи аллели в DYS472:**

7 – 1	Всего 5 мутаций
8 – 3461	
9 – 4	$5/3466/134 = 0.000011$ мут/поколение

Симметричность и несимметричность распределения мутаций в гаплотипах субклада R1b-L21

11 – 2		
12 – 81		(в основном носители R1b-L23)
13 – 3237	DYS393	k = 0.000590
14 – 145		(в основном носители ирландского R1b-M222)
15 – 1		
21 – 3		
22 – 22		
23 – 228		
24 – 2364	DYS390	k = 0.002200
25 – 815		
26 – 33		
27 – 1		
7 – 1		
8 – 3461	DYS472	k = 0.000008 (мутация раз в 125 тысяч условных поколений, или раз в 3.125 млн лет)
9 – 4		

Константы скоростей мутаций для 111 маркеров

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385a	DYS385b	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389	DYS392	DYS394			0.02
0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022	0.003	0.0008	0.0004	0.00231			
DYS458	DYS459a	DYS459b	DYS455	DYS454	DYS447	DYS437	DYS448	DYS449	DYS464a	DYS464b	DYS466c	DYS464d		0.046
0.0062	0.0004	0.00096	0.0001	0.0003	0.0032	0.00064	0.0014	0.0068	0.001	0.0011	0.0025	0.0014		
DYS460	Y-GATA-H	YCA9a	YCA9b	DYS456	DYS607	DYS576	DYS570	CFY9a	CFY9b	DYS442	DYS438			0.09
0.002	0.0017	0.0021	0.00233	0.00432	0.0026	0.006	0.0047	0.0066	0.007	0.0043	0.00035			
DYS531	DYS578	DYF395b	DYF395a	DYS590	DYS537	DYS641	DYS472	DYF406S1	DYS511	DYS425	DYS413a	DYS413b	DYS557	DYS594
0.0009	0.00043	0.0004	0.0004	0.00034	0.0009	0.00017	0.000008	0.0009	0.0009	0.000042	0.002	0.002	0.0026	0.00017
DYS436	DYS490	DYS534	DYS450	DYS444	DYS481	DYS520	DYS446	DYS617	DYS568	DYS487	DYS572	DYS640	DYS492	DYS565
0.00004	0.00007	0.00315	0.00011	0.0018	0.004	0.0015	0.0028	0.0005	0.00005	0.0007	0.00092	0.00015	0.00015	0.0019
DYS710	DYS485	DYS632	DYS495	DYS540	DYS714	DYS716	DYS717	DYS505	DYS556	DYS549	DYS589	DYS522	DYS494	DYS533
0.0073	0.0016	0.0001	0.0014	0.0013	0.0045	0.0005	0.0006	0.003	0.0008	0.002	0.00068	0.0016	0.0001	0.00125
DYS636	DYS575	DYS638	DYS462	DYS452	DYS445	Y-GATA-A	DYS463	DYS441	Y-GGAAT-	DYS525	DYS712	DYS593	DYS650	DYS532
0.00023	0.0003	0.00027	0.0003	0.001	0.0005	0.0032	0.0025	0.0021	0.001	0.0017	0.0062	0.00012	0.0037	0.0035
DYS715	DYS504	DYS513	DYS561	DYS552	DYS726	DYS635	DYS587	DYS643	DYS497	DYS510	DYS434	DYS461	DYS435	
0.0032	0.003	0.0015	0.0013	0.0036	0.00017	0.0022	0.0012	0.00257	0.0011	0.003	0.0003	0.0014	0.00011	0.198

На слайде выше числа в правой крайней колонке показывают суммарную величину константы скорости мутации для 12-маркерных гаплотипов (0.02 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет), 25-маркерных гаплотипов (0.046), для 37-маркерных гаплотипов (0.09), для 111-маркерных гаплотипов (0.198), и для 67-маркерных гаплотипов она опущена за недостатком места, и равна 0.12 мутаций на гаплотип на условное поколение. В 111 клеточках (ячейках) приведены константы скоростей мутации для индивидуальных 111 маркеров.

Надо сказать, что многих вводит в заблуждение понятие «константа скорости мутации». Как же так, говорят они, какая же это константа, когда у почти всех маркеров значение «константы» разное. Но понятие «константа» относится совсем к другому – она остается постоянной в ходе возникновения мутаций в гаплотипах – постоянной (константа) для каждого маркера, и постоянной для всего гаплотипа. Более того, эти величины постоянны (константы) независимо от того, сколько гаплотипов в серии – пять, пять тысяч, или пять миллионов. Аналог – время полураспада (время полупревращения) радиоактивных изотопов. Неважно, взяли несколько миллиграммов, граммов, или килограммов изотопа, и сколько времени продолжается его распад (а он в большинстве случаев продолжается практически вечно), а время

полупревращения (полураспада) является постоянной величиной, константой, и является важнейшей характеристикой радиоактивного изотопа. У каждого изотопа она своя, и тем не менее это – «константа».

«Скорости Животовского» или «популяционные скорости» как пример ложных подходов в ДНК-генеалогии

На самом деле в ДНК-генеалогии этот «метод» никогда не применялся, это было трагической ошибкой популяционной генетики, и был там обязательным в последние 10 лет. Сейчас, видимо, ошибку наконец поняли, и «метод» больше не применяют. Суть его в том, что он использовал формальное усреднение всех мутаций во всем мире, по всем гаплогруппам, и за время существования человечества. В результате математических манипуляций получилась «скорость мутации» 0.00069, то есть примерно в три раза заниженная.

**«Скорости Животовского» или
«популяционные скорости» как
пример ложных подходов
в ДНК-генеалогии**

Применяя эту «скорость мутаций» популяционные генетики на протяжении 10 лет публиковали совершенно абсурдные результаты «расчетов» и исторических «интерпретаций». Но метод был в их «науке» обязательным, и их профильные журналы по всему миру отклоняли статьи, если расчеты были проведены другими методами. Список их абсурдных статей слишком длинный, чтобы его здесь приводить. Когда датировки увеличены на 300-350%, понятно, что это не наука. Это можно упомянуть только как пример порочной системы в попгенетике, отсутствия там научной школы.

Конец лекции 8

Курс лекций по практической
ДНК-генеалогии.

Иллюстрации. Лекция 9

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

**Практический курс
ДНК-генеалогии
из 18 лекций**

Лекция 9

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

Лекция 9

Расчетные методы ДНК-генеалогии

Константы скоростей мутаций в маркерах и гаплотипах (снип-мутаций и стир-мутаций).

Примеры расчетов в ДНК-генеалогии

Приведем несколько конкретных примеров расчетов датировок, от недавних общих предков, несколько веков назад, до сотен тысяч и миллионов лет назад. Первый пример, поддержанный документальной генеалогией, прислан из Израиля, в нем речь идет о потомках знаменитой раввинической семьи Горовитцей, живших в Праге в 1507-1572 гг.

Общий предок пяти ашкеназийских евреев жил в 1507-1572 гг, то есть 444-509 лет назад

Пять 111-маркерных гаплотипов содержат 17 мутаций от базового гаплотипа. Это дает $17/5/0.198 = 17$ условных поколений, или 425 ± 111 лет до общего предка.

Расчеты на ККК:

111-маркерные ~ 436 лет

67-маркерные ~ 466 лет

37-маркерные ~ 454 года

Пример – пять гаплотипов ашкеназийских евреев. Общий предок жил в 1507-1572 гг, то есть 444-509 лет назад

Пять 111-маркерных гаплотипов содержат 17 мутаций от базового гаплотипа. Это дает $17/5/0.198 = 17$ условных поколений, или 425 ± 111 лет до общего предка.

18 мутаций дали бы примерно 455 лет

19 мутаций – 480 лет

Этот пример на предыдущем слайде показывает, насколько чувствительны расчеты к мутациям. 17 мутаций в серии из пяти гаплотипов дают 425 лет, 18 мутаций – 455 лет, 19 мутаций – 480 лет (погрешности приведены на слайде). Но поскольку мутации случайны, неупорядоченны, это показывает, что точную датировку получить невозможно.

Но так устроен мир, что на точные показатели, причем с гарантией, в науках о людях – социологии, генеалогии, и прочих подобных получить невозможно. Вопрос – тогда в чем плюс ДНК-генеалогии? Ответим. Во-первых, то, что датировка общего предка пяти потомков Горовитцей согласуется с документальной генеалогией, уже дорогого стоит. Есть множество случаев, когда родственники по документальной генеалогии оказываются относящимися к разным гаплогруппам. Во-вторых, ДНК-генеалогия обычно решает принципиальные вопросы, решает исторические загадки там, где точность не нужна. Там важно принципиальное решение вопроса. ДНК-генеалогия, например, выяснила, что общий предок современных этнических русских гаплогруппы R1a жил на Русской равнине около 5 тысяч лет назад, и далее древние люди того же рода разошлись по разным направлениям, которые без труда выявляются по гаплогруппам, субкладам, гаплотипам, и везде для них можно рассчитать датировки общих предков по гаплотипам их современных потомков, выявить направления миграций, проследить преемственность (генезис) археологических культур. Когда эти принципиальные вопросы решены, далее возможно уточнение полученных данных представителями разных научных специальностей. Но это тогда, когда принципиальные вопросы уже решены или уточнены ДНК-генеалогией. Без ее вклада множество вопросов археологии, истории, языкознания, антропологии и других дисциплин остаются нерешенными на протяжении десятилетий, а то и веков.

Необходимость «медленной» панели гаплотипов

При переходе к очень древним общим предкам степень возвратных мутаций становится столь велика, что система становится неустойчивой. Например, при средней величина числа мутаций на маркер 0.8, поправочный коэффициент возвратных мутаций равен $\frac{1}{2}(1 + \exp(0.8))$ то есть 1.61. Приходится вводить поправку на 61%. При числе мутаций на маркер, равному 1.0, то есть в среднем каждый маркер имеет мутацию, поправка на возвратные мутации равна $\frac{1}{2}(1 + \exp(1))$ 1.86. Хуже то, что при этом из-за возвратных мутаций происходит массовая их потеря, и датировки намного занижаются. Поэтому надо переходить только на «медленные» маркеры.

«Медленная» 22-маркерная панель гаплотипов

Поэтому была разработана и откалибрована 22-маркерная панель, скорость мутации которой равна 0.00539 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет), или в среднем $0.00539/22 = 0.000245$ мутаций на маркер. Это на порядок медленнее, чем в обычных панелях гаплотипов.

Пример. В 22-маркерном формате базовые гаплотипы гаплогрупп R1a-Z280 и R1b-P312 имеют вид:

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
12 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12

«Медленная» 22-маркерная панель гаплотипов

Повторим:

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12

Мы видим, насколько близкими стали гаплотипы в «медленной» панели (см., например, розовое поле). Между этими гаплотипами 7 мутаций, что дает среднее число мутаций на маркер 0.32 (между соответствующими 67-маркерными было 44 мутации, и среднее число мутаций на маркер было 0.66). Общий предок этих гаплогрупп жил 24 тысячи лет назад. Калькулятор Килина-Клёсова дает 27 тысяч лет назад, расчеты по снипам (расстояние до гаплогруппы R1) дают 28200 ± 2300 лет (<https://www.yfull.com/tree/R1/>)

Расчет времени жизни общего предка гаплогрупп A00 и A0 (геномные методы дают от 209 до 240 тыс лет назад)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	V	W	X	Y
STR																								
size of haplogroup	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
variance	3554	3091	3000	0	0	51429	556	0	1250	1250	0	2941	0	11805	11745	50000	28571	0	0	0	0	0	0	3333
average value	18	12	11	10	11	18	11	8	15	15	8	9	8	9	11	10	13	8	12	10	11	12	11	12
standard deviation	0.28	0.18	0.30	0.44	0.44	1.01	0.42	0.44	0.40	0.40	0.44	0.33	0.44	0.10	0.11	0.97	0.38	0.44	0.44	4.05	0.44	0.44	0.44	0.34
TMRCAs	10	11	12	10	11	16	10	8	14	14	8	8	8	8	8	12	11	12	8	12	12	11	11	11
standard deviation	12	12	10	10	11	10	11	8	15	15	8	8	8	8	8	10	9	14	8	12	12	11	11	12

TMRCAs	217 тыс лет
standard deviation	85 тыс лет

Расчет времени жизни общего предка человека и шимпанзе (по оценкам антропологов между 3 и 6 миллионов лет назад)

STR	age of haplotype	DY3424	DY3388	DY3392	DY3455	DY3454	D13428	D13311	D13378	D1339514	D1339519	D13390	D13443	D13423	D13384	D13438	D13480	D13470	D13417	D13368	D13440	D13482	
Fr 1/s (mutation rate constant)	0.0009	0.0022	0.0004	0.0001	0.0003	0.0005	0.0009	0.0043	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0007	0.00008	0.00042	0.00017	0.00004	0.00007	0.00011	0.0009	0.00009	0.00013	0.00039
variance	30000	20423	1230	240000	37754	1188	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004	0.0004
average/last	10	14	11	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8
Clamp	0	15	10	4	5	9	10	5	10	4	4	5	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
Mean	11	12	11	11	11	11	10	11	8	16	8	10	8	12	10	12	12	8	12	11	11	11	11

TMRCА	4.1 млн лет
standard deviation	1.5 млн лет

Общая относительная погрешность в расчетах датировок

Для одной сигма, обратная величина квадратного корня из общего числа мутаций в серии гаплотипов возводится в квадрат, к ней прибавляется 0.01 (это квадрат средней погрешности величины константы скорости мутации, при принимаемой ее погрешности $\pm 10\%$, то есть 0.1), и из полученной суммы извлекается квадратный корень.

Например, при 100 мутациях (от базового гаплотипа) в серии гаплотипов получаем:

$$0.1^2 = 0.01$$

$$0.01 + 0.01 = 0.02, \text{ корень квадратный из } 0.02 \text{ равен } 0.1414.$$

Таким образом, погрешность расчетов для 100 мутаций в серии равна $\pm 14.14\%$, или, округленно, 14%. Это – для доверительного интервала 68% (одна сигма).

Конец лекции 9

Этот путаник Клейн...

«Вхождение» Л.С. Клейна в ДНК-генеалогию

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

В 2010-2011 году у нас с Л.С. Клейном состоялся продолжительный эпистолярный сеанс из 45 писем. Эпистолярным романом его назвать было нельзя, хотя энциклопедии определяют этот жанр как «роман в письмах», в которых «выражаются душевные переживания героев, отражена их внутренняя эволюция». В отношении переживаний и эволюции не знаю, но свое послесловие к публикации писем (Вестник Академии ДНК-генеалогии, 2011, февраль, том 4, № 2, стр. 246-402) я начал с фразы «Многое меня разочаровало в этой дискуссии». И дальше поясню, что разочаровали постоянные скачки моего собеседника, его категоричные, но взаимоисключающие заявления, категорическое нежелание услышать собеседника, нахрапистые выводы там, где он ровным счетом ничего не понимает. Он с первых же писем показал нулевой уровень знаний о гаплотипах и гаплогруппах, и буквально на следующий день уже стал выдвигать о них опять же категоричные положения, которые приводили меня если не в ужас, то к гомерическому смеху. Надо сказать, что он согласился опубликовать переписку, но при условии изъятия им того, что он считает нужным изъять. Оказалось, что он изъял свои самые безграмотные заявления. Точнее, когда он их в письмах изрекал, он не знал, что они безграмотные, но после моего их разгрома понял. И изъял. Это тоже меня разочаровало, уже в отношении Клейна как человека.

Вот пример (письмо 42, то есть уже к концу дискуссии). Я выразил недоумение, что он изъял из писем свои, как обычно, категоричные заявления о сарматах, точнее, об их отсутствии там, где я их нашел. Вот что он пишет в ответ, цитирую:

... повлияли на меня и привели к отказу от этого предположения не Ваши письма (ведь я Ваших выводов так и не принял), а ознакомление (я же всё это время читал) с работами Андерхилла и других, где содержится датировка втрое более глубоким временем, чем Ваша, а это, естественно, отмечает вопрос о сарматском субстрате. Сарматский субстрат был бы реалистичным, если бы признавать Вашу датировку. Так что ничего я не «заметался», а просто увидел, что мое первоначальное предположение не оправдывается. И убрал его.

Здесь достаточно сказать, что «датировка втрое более глубоким временем» у Андерхилла была потому, что Андерхилл и соавторы (и Балановские среди них, публикация 2009 года) использовали в расчетах «скорости Животовского» (тоже соавтор в статье), которые были в три раза занижены по сравнению с правильными, предложенными в наших работах. Иначе говоря, согласился бы Клейн с нашими данными – получил бы правильный вывод о сарматах, «вывод был бы реалистичным». А поскольку у него получился нереалистичный – он его из писем снял. Такая вот у Клейна наука.

С этими «скоростями Животовского» Клейн не раз попадал впросак. Например, с праславянским субкладом R1a-M458, который те же Андерхилл с Балановским (и другими соавторами, 2009 г.) датировали как 10700 лет назад, получив «датировку с втрое более глубоким временем», чем дает ДНК-генеалогия, и последнее потом полностью подтвердилось другими методами (в частности, независимыми расчетами по снип-мутациям). А Клейн (уже в публикациях 2014-2015 гг.) объявил, что праславянским R1a-M458 быть никак не может по причине его глубокой древности. Хотя я его лично предостерегал в переписке, что это делать не надо, и писал ему о порочности «метода Животовского». Но в 2015 году Балановские с соавторами дали задний ход, пересчитали старые датировки по снип-мутациям, но, как водится, совершенно произвольно и без оснований приписали им неверную калибровку, и получили, что те же R1a-M458 имеют датировку уже 3000 лет назад. Хорошее понижение от 10 с лишним тысяч лет, причем в статье – никаких объяснений. Не будут же они признаваться, что 10 лет считали неправильно и публиковали мусор, не так ли? Решили тихо замести под ковер. Правда, Клейна подставили с его «неславянскими интерпретациями» неверных датировок, пришлось ему оправдываться по типу «невиноватая я, это он всё они». Он тут же свалил вину на авторов, что его ввели в заблуждение. Что особенно занятно, в своей статье 2015 года авторы так и не признали, что прошлая датировка более чем в 10 тысяч лет была неверной. Они просто «замели под ковер» свою ошибку, и тихо перешли к новой (опять неверной) датировке, без объяснений. Опять фактически обман. В этом – «нутро» попугенетики – обман, непризнание ошибок, ложь, агрессия. И всё на фоне генерируемого ими мусора.

Когда я в ходе полемики на «Троицком варианте» (впрочем, там наука никого из спорящих со мной не интересовала, они алкали «комиссарского тела») я Клейну напомнил о его провале, он не нашел ничего лучшего, как «возразить» -

«Моя вина, по Клёсову, состоит в том, что, не будучи генетиком, я поверил датам 34 исследователей, известных в генетике и антропологии, и не поверил

датам доктора химических наук Клёсова.... И продолжаю верить им и не верить ему».

Я ответил:

Нет, Лев Самуилович, Ваша проблема не в том, что Вы поверили искаженным датам популяционных генетиков, Вы же не специалист, Вы и не могли их проверить. Не в этом проблема. Проблема, и большая в том, что Вы взяли чудовищно искаженные данные (около 300% — это чудовищно искаженные), и стали развивать безумные интерпретации исторического характера. Элементарная интуиция историка Вам отказала. Вторая проблема у Вас — Вы знали, что я специалист по обработке данных по мутациям в ДНК. Вы могли сомневаться в достоверности моих исторических интерпретаций, это Ваше полное право сомневаться. Но Вы могли прислать мне Вашу статью для предварительного рассмотрения. Вы должны были понимать, что я лучше разбираюсь в моей профессиональной области, а именно кинетике химических и биологических реакций (а мутации в ДНК — часть их, ничего необычного там нет, обычная кинетика первого порядка), чем популяционные генетики, которые соответствующего образования не имеют. Вы же «повелись» на то, что в статье 34 автора, и что они — «крупные ученые». Увы, в целом нет. В чем-то да, а в расчетах данных — нет. Результат налицо.

К сожалению, Вы продолжаете упрямяться, вопреки здравому смыслу, и твердите, совершенно бездоказательно, что им верите. Пройдите по четырем указанным линкам, я там детально разбираю, почему «метод Животовского» фатально неверный, почему он завышает датировки в три раза, и почему он безнадежен. Если Вы и после этого не измените своего мнения, то Вам уже никто помочь не сможет. Вы хвалились, что признаете свои ошибки. Не упустите этот шанс.

Клейн шанс упустил, конечно. И это было для него системой. Клейн встречал любое положение и любой термин ДНК-генеалогии в штыки, он отказался воспринимать даже самые элементарные основы ДНК-генеалогии. Было ощущение, что это капризничает избалованный инфант.

Но вместо использования своего шанса, Клейн поступил противоположным образом. Он не мог вынести того, что «химик», как он обычно пишет (хотя мог бы писать «специалист по биомедицине», но это уже слишком близко к ДНК, Клейну не подходит, он же манипулятор, или мог бы написать про меня «академик Национальной Академии», но это тоже Клейну не подойдет по определению, ему ведь самому до академика бесконечно далеко), что «химик» делает ему, Клейну, туше на его же поле. Если Клейну больше нравится бокс, то отправляет его, Клейна, регулярно в нокаун. Так вот, Клейн в лучших

традициях стукачей направил письмо в Комиссию при Президиуме РАН, написав, что я «лжеученый». Параллельно он опубликовал статью под названием «О логических последователях «научного патриота» А.А. Клёсова. И знаете, что означает там «о логических последователях»? Означает то, что меня напрямую он там ни в чем обвинить не смог, процитировал ряд высказываний националистов, и «логически» заключил, что я их «подталкиваю». Так и пишет Клейн – «Вы же не настолько глупы, Вы только подталкиваете, а домыслят до конца они сами». Неплохо, не так ли? Этак меня можно под любую статью подвести, что я «подталкиваю», а уж остальное – «они сами».

Вот и конкретный пример – «Ю. Петухов (книга «Дорогами богов. Русская кровь») вычитал идеи у Клёсова и переформулировал по-своему». Я поискал по сети, но книги «Дорогами богов. Русская кровь» не нашел. Есть книга Ю. Петухова «Дорогами богов», но она вышла в 1998 году, тогда Петухов у меня никаких «идей», имеющих отношение к ДНК-генеалогии, вычитать не мог, мои первые статьи по этой теме, научно-популярные, а затем и академические, вышли только через десять лет. Да и сам Ю. Петухов умер в начале 2009 года, вряд ли ознакомившись с моими статьями и книгами, которых тогда еще не было. Интересно, стыдно ли Клейну сейчас это читать? Бьюсь об заклад, что не стыдно. Потому что человек такой.

Можно вспомнить и другую статью Клейна – «Была ли гаплогруппа R1a1 арийской и славянской?». Статья полна несуразиц и элементарного непонимания основ ДНК-генеалогии. Как любой записной интриган, Клейн сначала стелет соломку, в первом абзаце пишет – «Анатолий Алексеевич Клёсов – биохимик, безусловно ярко талантливый человек». Значит, потом пойдут пакости, методология интриганов такая. Так оно и было. Ну, и все это перемежается элементарной безграмотностью, начиная с того, что Клейн (в который раз) не понимает, почему за условное поколение в ДНК-генеалогии принимается 25 лет. Он пишет – «поколение может быть и иной средней длительности – от 20 до 35 лет». Он не понимает, что константа скорости мутации в гаплотипах рассчитывалась именно для 25 лет на поколение, потому она и условная. Взяли бы для поколения 20 лет, или 35 лет, или 50 лет – не имеет значения, просто константу надо было пересчитать, а окончательный ответ в хронологических расчетах по мутациям, в годах, будет точно таким же. Это я объясняю уже десять лет, в статьях и книгах, но не все обучаемы. Клейн – он же не читатель, он писатель. Кто еще напишет, что рассматривать гаплогруппы Y-хромосомы ни к чему, потому что *«многие выдающиеся люди получили свои способности как раз от матери»*. Ай, молодец, растолковал, снял пелену с глаз! Только это на уровне «в гаплотипе мутации, а в Киеве дядька». Скорее, по контексту, тетка. Ему нужно это археологам рассказать, что, мол, находите в захоронении

копье, а ведь «многие выдающиеся люди получили свои способности как раз от матери». Так что ищите не копье, а подгузники. Толково, не так ли?

И вот так – вся статья, слеплена из подобных несуразностей. Судя по статье, Клейн не понимает простых вещей – что я называю гаплогруппу R1a славянской только в определенном контексте, когда рассматриваю только славян и только гаплогруппы R1a. А когда славяне гаплогруппы I2a, например, на южном Дунае, то у них гаплогруппа I2a тоже славянская, в отличие от британцев гаплогруппы I2a, которая у них там британская. Более того, славянская I2a имеет другие снипы, нежели британская I2a, они легко различимы. А славянская R1a имеет другие снипы, нежели, скажем, британская или скандинавская R1a, славянские в большинстве R1a-Z280 или R1a-M458, а скандинавские (как и британские), как правило, R1a-Z284. Но Клейн в этом разбираться не хочет, ему главное – обвинить, навесить ярлык, донос в Комиссию РАН написать. Подметное письмо написать или подписать, и в том письме – именно те самые безграмотные положения, передергивания, или прямая ложь.

Когда Клейну деваться некуда, он пишет – «этого, впрочем, Клёсов и не отрицает». Это тогда, когда мои разработки подтверждаются археологическими или другими независимыми данными. Это как, например, нахожу я по ископаемым гаплотипам то, что срубная культура переходит в синташтинскую, а Клейн напишет – «этого, впрочем, Клёсов и не отрицает». Замечательно. И то, что дважды-два четыре, я, впрочем, тоже не отрицаю. Замечаете клейновский стиль? Вместо того, что некто нашел, открыл, обосновал, Клейн пишет – «он, впрочем, не отрицает».

Думаю, любой, кто с Клейном имел дело, это давно заметил и знает.

Клейн о «степной прародине индоевропейцев»

Теперь перейдем к последнему «труду» Клейна, статье, которую он разместил в сети на днях. Название статьи – «Степная прародина индоевропейцев как гипотеза». В ней он обсуждает в основном две статьи, которые вышли в феврале 2015 года в предварительном виде, то есть более двух лет назад, и затем в июне 2015 года в журнале Nature. Еще 16 февраля 2015 года, сразу после выхода предварительных вариантов, на Переформате появилась критическая статья «Степь и язык – очередное недоразумение популяционных генетиков». В прошлом, 2016 году вышла короткая статья Николовой, директора института археологии из США, которая назвала основные выводы статьи в Nature «фантастической безграмотностью», и Клейн о статье Николовой в том же 2016 году узнал. У меня с тех пор четыре книги вышли, с разбором тех статей в Nature. А Клейн только сейчас опомнился. Впрочем, понятно,

почему. Теперь можно всю критику прочитать, списать, и выступить самому, причем ссылок на меня или Николову, конечно, не давать. Напомнить, как это называется?

То, что Клейн читал мои статьи, возможно, и книги, ясно потому, что он упоминает «противостояние ариев и эрбинов». Мои слова. И после этого выдает переписанные у меня основные выводы и заключения по статьям в Nature (2015), выдавая за свои. Переписывает уже в 2017 году, через два года после моей критики. Ссылок, разумеется, он не дает, что является грубым нарушением научной этики. И меня тут же повторяет, про то, что имеет место «кардинальная» разница между культурами ариев и эрбинов, но при этом кокетливо поводя плечиком, что у авторов в Nature «не вытанцовывается». Поводя плечиком, видимо, от смущения воришки-плагиатора.

Вообще читать Клейна – это в цирк ходить не надо, это я «акробатиков» имею в виду. У него при использовании гаплогрупп и субкладов (в чем он разбирается крайне плохо, и постоянно путается) задача простая – что-то списать, но при этом не признаваться, что списал. Но когда уж очень ясно, у кого, то попытаться лягнуть того, у кого списал. Приведу пример – давно я пишу, что арии (носители гаплогруппы R1a в IV-II тыс до н.э., в частности, предположительно трипольской культуры, культуры шнуrowой керамики, срубной культуры, потаповской, андроновской, синташтинской, с переходом в Индию-Пакистан, с одной стороны, и в зауральские культуры с постепенным переходом в культуры скифского круга – это помимо тех, кто ушли по южному маршруту через Кавказ в Месопотамию, и на Иранское плато), и эрбины (носители гаплогруппы R1b, начиная с древнейших степных культур – хвалынской и ямной, и, видимо, других культур протяженной миграции со стороны южной Сибири на запад до Русской равнины) – как культуры не перемешивались. Вряд ли у них было «противостояние» на Русской равнине, скорее они просто передвигались друг мимо друга, разными маршрутами. Противостояние у них возникло, скорее всего, уже в Европе, в начале-середине III тыс до н.э., и привело к переходу ариев на территории, ныне занимаемые восточными славянами – Украиной, Белоруссией, Россией, от Черного до Балтийского морей.

При описании этой картины можно не вдаваться в детали, поскольку миграции обычно не проходили гуськом, шаг в шаг, поэтому детали разнообразны, но в целом наиболее вероятная картина описана в предыдущем абзаце. Можно добавить, что в хвалынской культуре найден единичный носитель R1a, хотя культура должна иметь преимущественно R1b. Можно добавить, что в культуре ямочно-гребенчатой керамики пока найдены только R1a, а в нарвской культуре R1a не найдены, но найдены R1b. В общем, ясно, что миграции и места обитания носителей R1a и R1b были преимущественно разделены, более

того, по всем данным арии (носители R1a в те времена) говорили на индоевропейских языках, а эрбины – на неиндоевропейских языках. Арии принесли ИЕ языки в Индию и Иран, и, видимо, на юг как хетты и как митаннийские арии. Эрбины, напротив, принесли не-ИЕ языки на Кавказ и затем в Месопотамию, и далее на Пиренеи, где часть их осели как баски, а другие принесли не-ИЕ языки в континентальную Европу, которая и говорила на не-ИЕ языках вплоть до начала-середины I тыс до н.э., а местами и до начала новой эры. Но во времена, которые мы сейчас намерены обсуждать, а именно времена степной ямной культуры (которую археологи датируют 5600-4300 лет назад) и более западной культуры шнуровой керамики (5200-4300 лет назад), ямная культура была в подавляющем большинстве культурой рода R1b, а культура шнуровой керамики (КШК) – культурой рода R1a. Так, во всяком случае, показывают ископаемые ДНК.

С женщинами там, впрочем, полная неразбериха, и мтДНК, найденные в ямной культуре (16 образцов) – это U4, U4a, U5a (пять образцов), U5b, T2a (два образца), T2c, H2b, H6a, H13, W3a, W6c. В предшествующей ей хвалынской культуре (три образца) U4a, U5a, H2a. В культуре шнуровой керамики (большинство образцов из Германии) пересечений с последними из ямной мало, пять образцов из 17, причем ряд из них с другими субкладами, здесь не показанными из-за экономии места, и добавляются U2e, H5a, T2b, T2e, K1a, K1b1, K2b, I3a, J1b, J1c, J2a. Это, впрочем, не удивительно, женщины приходят к мужу (или как он там назывался тысячелетия назад) в селение, и тем самым расходятся по округе. В любом случае ясно, что мужчины КШК никак не могли произойти от мужчин ямной культуры. Гаплогруппы говорят об этом практически однозначно, R1a в одной культуре, R1b в другой.

Статьи в Nature (2015) сообщают о том, что геномные данные показывают сходство (обычно популяционной генетики употребляют вязкий термин «аффинность») между геномами ямников и геномами шнуровиков, и потому, делают они вывод, шнуровики произошли от ямников. Еще в своей критической статье двухлетней давности я показал, что это невозможно на основании данных по гаплогруппам, но «геномные популяционной генетики» гаплогруппы не рассматривают, за редким исключением, и то в этих исключениях они просто показывают их в приложениях, и не обсуждают. Именно в отношении «происхождения культуры шнуровой керамики из ямной» и написала археолог Николова, что это фантастическая ерунда.

И вот теперь, через два года, Клейн очнулся, и решил, что настало его время подвергнуть эти статьи критическому анализу. Это после того, как другие уже рассмотрели. Очень удобно. До этого он соломку стелил, а теперь можно со всех сторон ей обложиться. Но, с другой стороны, может, он что-то оригинальное выдвинет? Раскроет нам всем глаза, так

сказать? Профессионально припечатает либо нас, непонимающих, либо генетиков, тоже непонимающих, и расставит точки над... в общем, над ямниками со шнуровиками.

Начнем?

Первое

Первое, Клейн повторил уже давно известное – что «у ямной культуры массово проявляется R1b (есть уже семь определений), тогда как у шнуровиков... преобладает R1a (несколько определений)». Замечательно. Большой успех мастера. Правда, там не семь, а 11 определений, которые опубликованы в 2015 году, можно было бы и ознакомиться за два прошедших года. Попалась также I2a, но в отдельном захоронении и в самом недавнем из всех, так что это не показательно. У шнуровиков попала одна R1b-CTS11468, это то же самое, что более известная R1b-M269, но с единичными образцами это случается. Клейн там же пишет, что у шнуровиков есть еще «другая клада R1b», но к чему относится «другая» непонятно, стиль у мастера неважный. Другая, наверное, чем у ямников, но это в данном случае не так. У ямников в основном R1b-M269-L23-Z2103, то есть M269 – это просто вышестоящий субклад по отношению к ямникам. Более подробно об этом – в подразделе «второе».

В общем, всё так же, как я уже много лет пишу – что у шнуровиков в основном R1a, у ямников – R1b. Что же пишет наш мастер? А вот что – «Я далек от того, чтобы видеть здесь кардинальное противостояние «эрбинов» и «ариев» Клёсова, но преемственность никак не вытанцовывается!» Вот и «акробатик» проявился – повторил то, что я уже много лет пишу, сообщил, что он «далек от того», придумал «кардинальное противостояние», и сообщил, что преемственности нет, правда сообщил вполне игриво. Видимо, от застенчивости. Напоминает голубого воришку Альхена. Короче, беззастенчиво списал и тут же отбежал в сторону, застенчиво приподняв ножку. Вот такая комбинация застенчивости и беззастенчивости.

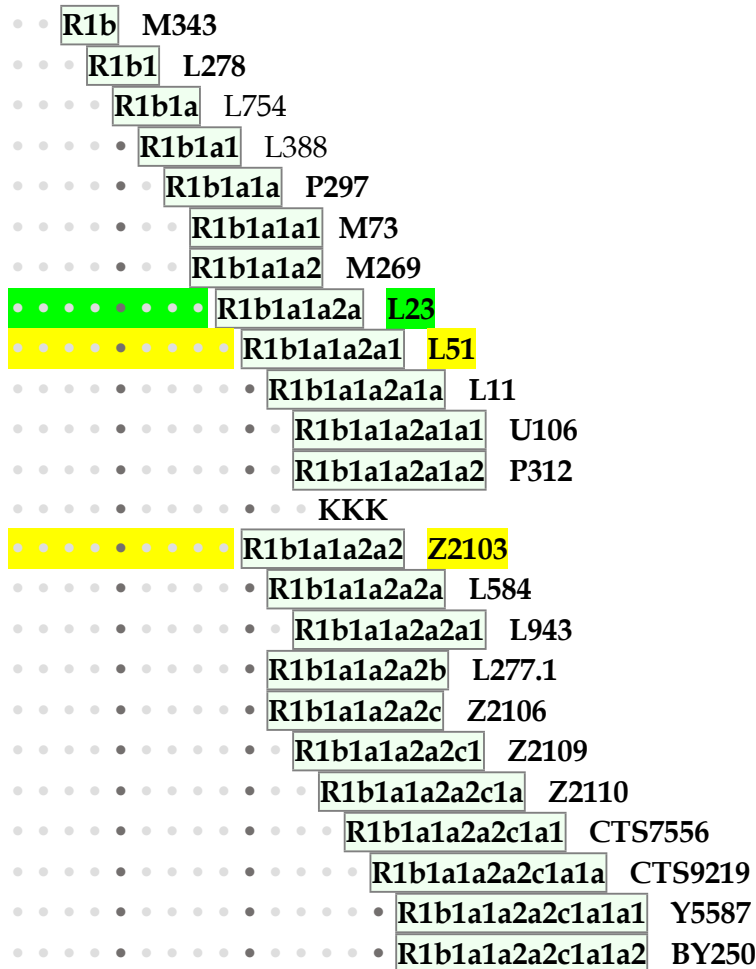
Второе

Второе – Клейн продолжает путаться с субкладами гаплогрупп. Не знаю, кто его консультировал, но консультант Клейна сильно подвел. Если это сам Клейн придумывал – тогда неудивительно, познания у него еще те. Цитирую – «Для носителей ямной культуры характерна клада, характеризующая мутацией L11, а у «шнуровиков» картина сложнее». Мало того, что стиль опять вязкий, нечитаемый (что такое «сложнее» в данном случае? То, что у шнуровиков нет субклада L11? То, что у них не один субклад, а несколько? Или еще какие сложности?), но там еще и характерная для Клейна путаница.

Для начала, Клейном перепутан характерный субклад гаплогруппы R1b ямников. Он у них никак не L11, а Z2103. Диаграмма ниже показывает, насколько они различаются. Это – в сильном сокращении из классификации ISOGG-2017 (всего там более тысячи уровней). Мы видим, что после ряда субкладов гаплогруппы R1b, каждый из которых образовался путем случайной, но необратимой снип-мутации (индексы справа от субкладов), образовался снип L23 (примерно 6500 лет назад, отмечен зеленым цветом), и от него пошли два параллельных снипа – L51 и Z2103 (каждый примерно 6200 лет назад, отмечены желтым цветом). Носители снипа L51 прошли мимо ямной культуры, или она тогда еще не образовалась, по понятиям археологов, продвинулись на Кавказ, и оттуда в Месопотамию, где и образовался снип L11 примерно 5800 лет назад. Оттуда носители этого снипа прошли на Пиренеи, примерно 4800 лет назад, и дали начало двум параллельным субкладам, U106 и R312, которые положили начало культуре колоколовидных кубков (ККК на диаграмме ниже). Эти субклады продвинулись в континентальную Европу, и заселили ее весьма быстро – уже в середине III тыс до н.э., то есть всего через несколько веков, эти субклады и производные от них уже были на территории современной Германии. Перечисленные субклады, L51, L11 и R312, с датировками 4200-4400 лет назад, нашли в составе ископаемых ДНК в захоронениях ККК. Они прибыли с Пиреней, по всей совокупности имеющихся данных. В ямной культуре, вопреки утверждению Клейна, их не нашли.

Нашли в ямной культуре преимущественно субклад R1b-Z2103 (отмечен, как уже указывалось, желтым цветом на диаграмме ниже). От него идут грозди нижестоящих субкладов, носители которых сейчас найдены в больших количествах в России, на Украине, в Армении и вообще на Кавказе, в Турции, Ливане, Саудовской Аравии, Ираке, а также в Италии и на Южных Балканах.

Так что и здесь Клейн умудрился всё перепутать.



Третье

Третье - цитирую Клейна: «у «шнуровиков» картина сложнее. Для них характерна гаплогруппа R1a... но также и группа R1b, только не в виде той кледы, что представлена у ямной культуры, а другой – с мутацией Y2103, в более позднее время распространенной у германцев и кельтов». Час от часу не легче. Что это за группа R1b, которая «характерна» для шнуровиков, да еще с мутацией Y2103, которая отсутствует во всех классификациях? Электроблок Y2103 знаю, снипа Y2103 не знаю. Опять Клейн всё перепутал? Может, это Z2103, но не слышал, чтобы ее обнаружили у германцев и кельтов (наверное, древних).

Четвертое

Четвертое - Клейн постоянно путается с гаплогруппами и субкладами. Цитирую – «у шнуровиков другая клета R1b (чем у ямной культуры – ААК), а преобладает R1a (несколько определений)». Не знаю, откуда он взял про R1b у шнуровиков, тем более, что потом пишет, что у шнуровиков R1b-

Z2103. Но это и есть основной субклад именно ямной культуры, и не семь определений (как он пишет чуть ранее), а одиннадцать, и все опубликованы в 2015 году, пора бы и ознакомиться.

Клейн продолжает путаться и дальше. Оказалось, про субклад L11 он списал из статьи Roznik и др. (2016), но там всё было не так. В той статье было написано, что в Западной Европе Y-хромосомные линии, нисходящие от R1b-L11, начинают «разбегаться» от времен 4800-5500 лет назад. И дальше авторы начинают фантазировать, что время 5500 лет назад «ассоциируется» (замечаете вязкий язык поггенетиков?) с началом ямной культуры, а 4800 лет назад «совпадает» с началом культуры шнуровой керамики в Восточной Европе, и с началом культуры колоколовидных кубков. Вообще-то времена 5500 и 4800 лет назад можно сопоставить с любыми историческими событиями, только выбирай по вкусу. Почему авторы статьи выбрали именно эти два, причем одно R1a, другое R1b, остается только гадать. На самом деле мы давно показали (Klyosov, *Advances in Anthropology*, 2012), что R1b-L11 действительно дает начало двум субкладам, которые повели культуру колоколовидных кубков в континентальную Европу примерно 4800 лет назад, так что можно было не гадать. Культура шнуровой керамики здесь совершенно не причем. Как и незачем связывать датировку 5500 лет назад с ямной культурой, эта датировка – просто верхняя граница погрешности расчетов авторами времени жизни общего предка субклада L11, которая с большей надежностью рассчитана по снипам, и равна 5800 ± 600 лет назад (<https://www.yfull.com/tree/R1b/>).

Что делает Клейн, глядя в ту статью, и, как совершенно ясно, не понимая, что там написано и какова достоверность того, что там написано? Он вставляет в свой манускрипт раздел «Несовпадение экспансии», и переписывает туда то, что он усвоил из статьи автора Roznik. А именно, что «Для носителей ямной культуры характерна клада, характеризующая мутацией L11». Он, Клейн, ведь и понятия не имеет, что это за «мутация L11», и что она к ямной культуре никаким боком. Roznik просто пофантазировал, что верхний предел погрешности расчетов времени общего предка для современных носителей субклада L11 «ассоциируется с началом ямной культуры», а Клейн тут как тут, записывает «характерна для носителей ямной культуры». Он так воспринимает. Сам не думает, и сам разбираться не хочет. Впрочем, скорее не может. Хотя Roznik тут же ясно пишет – «шесть (образцов ДНК) из ямной культуры с информативными генотипами не имеют ДНК-линий, нисходящих от предковых к L11, так что связь их Y-хромосом (с L11) не была установлена. Понимаете? Не была установлена. А Клейн, списывая, пишет – «L11 характерна для носителей ямной культуры». Хоть стой, хоть падай.

>Кстати, по подсказке известного генетика О. П. Балановского, датировка 4,8 – 5,5 тыс. лет назад получена из расчетов с одной скоростью мутирования, с другой она окажется почти на тысячелетие менее древней.

Да, «известный генетик» наконец-то немного обучился, читая наши работы по скоростям мутаций. Он уже усвоил, что если менять значение константы, то датировка будет плыть. Только фраза выше неверна, уж не знаю, Балановский ошибся, или Клейн опять напутал. Датировка окажется «почти на тысячелетие менее древней» не «с другой скоростью мутирования», а с конкретной, причем выше той, которая использовалась в расчетах авторами. Если она будет ниже той, которая использовалась, то получаемая датировка окажется более древней, и не обязательно на тысячелетие, а на ту величину, которую даст конкретная константа скорости мутации. Проще говоря, выше курсивом приведена неконкретная ерунда. Расчеты по снип-мутациям дают для образования субклада R1b-L11 датировку 5800±600 лет назад. Но если речь о датировке времени жизни общего предка современных носителей субклада L11, то величина получится или такая же, или менее древняя.

Пятое

Пятое – Клейн путается и при описании (вернее, опять при списывании, правда теперь у Балановского), что якобы у R1b-L23 есть «две ветви, западная L51 и восточная GG400», вторая якобы открыта Балановским. На самом деле в филогении гаплогруппы R1b и его субклада L23 давно известны две ветви, L51, которую «западной» можно назвать с большой натяжкой, и та самая Z2103, что найдена в ямной культуре, и в изобилии сейчас находится на Кавказе и в Месопотамии, а также в небольших количествах на юге Балкан и в Италии. Это два параллельные ветви, нисходящие от L23, приведены на диаграмме выше (отмечены желтым).

Не знаю, может, Балановский с коллегами и открыл «восточную ветвь GG400», или это на самом деле известная Z2103, и либо Клейн, либо Балановский перепутали. Они оба путаники еще те. Что я знаю об этом, так это то, что ни в одной классификации снипов и субкладов этой GG400 нет, это что-то домашнее, поскольку GG означает «Институт общей генетики». Но говоря об «открытии», им следует учесть, что известная «восточная» R1b-L23-Z2103 включает следующие нисходящие субклады, привожу ветви отдельно. Это большая таблица, и мне не хотелось бы уделять ей столько места, но это будет наглядным уроком, какова цена высказыванию «открыли новый снип» (что часто эквивалентно высказыванию «открыли новую ветвь», если только при этом не решается историческая загадка. Ниже приведены ветви нисходящих снипов для R1b-L23-Z2103. Это и есть «восточная ветвь», она же и южная. Что там GG400... Клейн просто не понимает, что эти снипы сейчас открывают тысячами и десятками тысяч.

L23 > Z2103 > L584 > Y18781 > PH 2731 > Y18441

L23 > Z2103 > L584 > FGC14590 > Y19434 > Y16852 > Y11410 > FGC14600 > Y21258

L23 > Z2103 > L584 > FGC14590 > Y19434 > A12332

L23 > Z2103 > L584 > FGC14590 > L943

L23 > Z2103 > L584 > FGC14590 > Y18687

L23 > Z2106 > CTS8966 > PH4902 > FGC48354

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y20993 > Y21707

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y16005

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y20971 > Y22198

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y20971 > Y22199

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16143 > Y17988 > Y19137 > Y19425 > Y19426

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16143 > Y17988 > Y19137 > Y19425 > Y23517

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16143 > Y17988 > Y18455 > Y23386

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y15982 > Y16143 > Y17988 > Y18455 > Y28634

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > Y19752

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > Y29917

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > BY250 > Y19469 > Y23493 > Y28635

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > V2986 > Y14306

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y5587 > Y5586 > Y22219

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789 > Y23373 > Z2705

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789 > Y30192

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > Y20344 > Y29085

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y20971 > Y22198

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y20971 > Y22199

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y14512 > Y16005

L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > Y20993 > Y21707

L23 > Z2103 > Y4364 > Y4366 > Y19847 > Y24543 > Y24734

L23 > Z2103 > Y4364 > Y4366 > Y19847 > A13358

L23 > Z2103 > Y4364 > M12135 > Y30217

L23 > Z2103 > Y4364 > BY13762

L23 > Z2103 > Y4364 > BY3716

L23 > Z2103 > Y4364 > BY3294

Шестое

Шестое - то, что Балановский делает «открытие», что *«древнее ямное население не было важным источником отцовских линий для современных западных европейцев»*, я писал уже в нескольких книгах, и ранее на Переформате. Так что здесь и Балановский списывает у меня, и Клейн списывает у меня, делая вид, что списывает у Балановского.

Ну, и Балановский - *«Выходит, что либо мигранты не оставили сыновей, либо Европу заселили не ямники, а некая загадочная популяция, отличающаяся от них по Y-хромосоме, но сходная по остальным хромосомам»*. Никакая загадочная популяция R1b Европу не заселила, а какая заселила - я еще в 2012 году писал в *Advances in Anthropology*, и с тех пор повторял множество раз. Заселила линия R1b-M269-L23-L51-L11, которая прибыла на Пиренеи, разделилась на U106 и R312, и как культура колоколовидных кубков заселила континентальную Европу.

Так что списывают у меня здесь и Балановский, и Клейн, плюс Клейн списывает у Балановского, правда, давая ссылку. Хорошая у них пара. Мне-то не жалко, пусть списывают. Только ведь списывают с большим опозданием.

Пар ушел в свисток

Ну так что там Клейн открыл? В чем продвинул наши знания? Да как обычно – ни в чем. Пар ушел в свисток. Сделал компилятивный обзор работ по «степной прародине индоевропейцев», насытил его ошибочными положениями, неверно списанными у генетиков, а также своими ошибками, ни одного вопроса сам не решил. Другой бы назвал это «псевдонаукой», или «лженаукой», но я так не назову. Просто пустая компилятивная работа.

Но статья Клейна довольно поучительна. Она показывает, какую цену зачастую имеют устоявшиеся представления в археологии. «Степную гипотезу» изучают уже сто лет, первые ссылки на нее датируются 1916 годом, и практически всё, оказывается, шатко и валко. Мало того, что проблема совершенно не решена (что можно истолковать так, что она была неверно поставлена с самого начала), но и ее «веховые» положения оказываются необоснованными. Оказывается, и *«словарь индоевропейского праязыка с самого начала был сомнителен»* (Клейн) в отношении включения соответствующей лексики ямной культуры, и в повозки впрягались только волы, и с псалиями неувязки, и с всадничеством, и «конеголовые скипетры» и не скипетры, и не конеголовые, и конские черепа оказались не энеолитическими, а более поздними, и кто штурмовал укрепления трипольцев – неясно, и ямная культура за пределы степи не продвигалась, и с датировками продвижения опять же неувязки, и похоронный обряд в ямной культуре не такой, как на западе, и керамика в этих культурах совершенно различна, и датировки ямной культуры не согласуются с временами распада праиндоевропейского языка на ветви. Что же, так сказать, в лавке осталось? И где вообще был Клейн все это время, лет пятьдесят, а то и больше? Сейчас-то что руками махать?

Клейн собирает, компилирует противоречия, но, похоже, неспособен решить эту проблему. «Связи не прослежены», сетует Клейн. Ну так чего сетовать, проследить надо, силы приложить. Но не тут-то было. В науке вообще немногие способны решать проблемы, подавляющее большинство предпочитает компилировать. Более того, Клейн проблему дополнительно запутывает. Ну ясно же, что ямная культура никакого отношения не имеет к индоевропейскому языку, пра-, прото-, или просто ИЕ языку. А Клейн не может это увидеть. *«Давно прослежены ее связи с индоиранскими языками, и русские археологи давно считают ее предковой для них»*, пишет он. Откуда это? Насколько обосновано? Зачем повторять эти старые мантры, когда ясно, что там опущены

альтернативные варианты? «Давно считают», это что, серьезный аргумент? Я столь уверенно об этом пишу, потому что ДНК-генеалогия давно проследила миграционный путь эрбинов в ямную культуру, нет и не может там быть на этом пути никаких «праиндоевропейцев». Откуда, где? В Сибири? В ботайской культуре? В культурах степей тургайского прогиба, в культурах Притоболья, суртандинской, терсекской, хвалынской? Откуда в ямной культуре возьмется индоевропейский язык? Из степного ковыля? Сам образовался, из грязного белья ямников? Но для Клейна «давно считают» - это как красные флажки, за них - низззз. А ссылки на тех кто «давно считают» - это 1956, 1961, 1981 гг. Что, с тех пор нельзя было разобраться в том, что легло в основу того, что «давно считают»? Вот она, проблема Клейнов.

«Между тем нет ни малейшего отражения индоиранской миграции в языках Центральной и Северной Европы» - пишет Клейн. Ну, и... Как же не сделать дальнейший шаг? Но не может Клейн, опять красные флажки. А там получается, что либо в ямной культуре не было ИЕ языков, либо они не приходили на запад, в Европу, либо ни того, ни другого. Вот ДНК-генеалогия и показывает, что не было ни того, ни другого. Носители гаплогруппы R1b заселяли Европу с Пиренеев, как культура колоколовидных кубков. Никакие это были не ямники, уже как минимум тысячу лет как не были. Кто-то из носителей R1b-Z2103 позже (видимо, в III тыс до н.э.) прошли на юг Европы через Месопотамию, и тоже давно не ямники, и не с ИЕ языками.

Заканчивает свою статью Л.С. Клейн тоже пассивно, в своем стиле, что перечень противоречий *«слишком большой..., чтобы реконструкцию ямной миграции в Центральную и Северную Европу можно было считать доказанной»*. Это вызывает удивление - неужели автор продолжает держаться за концепцию, давно ставшую безнадежной? То есть пока не доказано, не так ли? Похоже, опять красные флажки. И далее, последняя фраза - *«Она остается интересной гипотезой, а добытые генетиками данные - более важными и интересными, чем это могло бы определяться только способностью подтвердить или опровергнуть эту гипотезу»*. То есть безнадежная уже десятилетия гипотеза у Клейна оказывается «интересной», а данные генетиков, которые все на свете перепутали и выдвинули (точнее, «подтвердили») старые безнадежные положения, у Клейна оказались *«более важными и интересными, чем это могло бы...»*. Занятно - только что выражал сомнения в данных генетиков, а теперь называет их *«важными и интересными»*. Знает оценку профессионального археолога о том, что это *«фантастически безграмотно»*, а у него - *«важные и интересные»*. Это что, действительно полная неспособность прийти к определенному и обоснованному (самому!) заключению?

В публикации Клейн сообщает, что готовит эту статью для публикации в Acta Archaeologica (Дания). Зачем же так бестолково и неряшливо?

Сухой остаток

Большую ошибку совершил Клейн, что сразу встал в ревнивую оппозицию к ДНК-генеалогии, которая (ошибка) с самого начала застила ему глаза. Ошибку совершил, что невнимательно читал мои объяснения про ДНК-генеалогию в письмах, упомянутых выше. Потом это «застила глаза» превратилось в навязчивую идею неприятия ДНК-генеалогии, оспаривания её, не понимая элементарных основ и понятий, что привело Клейна на дорогу доносов, идеологически заряженных передергиваний, инсинуаций, подготовки и подписания откровенно лживых писем, «нарезок» из услужливо подсунутых текстов. Правда, масштаб не тот, главное доносное письмо, под которым стоит подпись Клейна, ушло в сеть, что есть эвфемизм «спортлото». Итог мы видим – Клейн стал всё больше интересоваться ДНК-генеалогией, хотя это название ему ненавистно, но поскольку первые уроки отверг, то так и пошло – от неприятия к невосприятиям и искажениям. В итоге «ДНК-генеалогия» Клейна – это винегрет из путаницы и грубых ошибок.

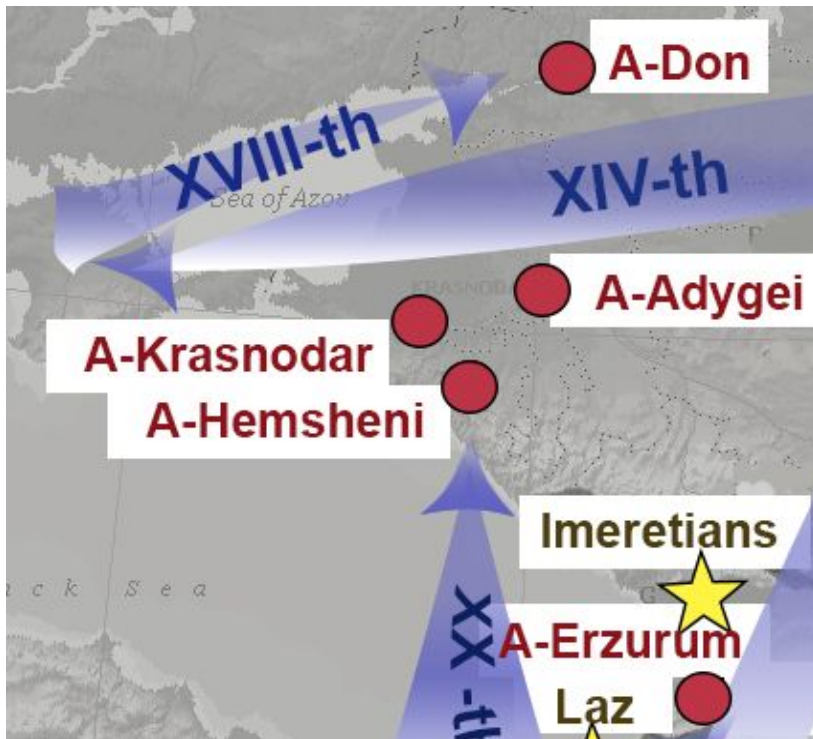
А ведь всё могло быть по-другому. Могло быть конструктивное и продуктивное сотрудничество, и сейчас убогие статьи Клейна с «привлечением» ДНК-генеалогии играли бы яркими научными красками, каждая была бы в науке значительным шагом вперед. Даже при том, что Клейн по природе (как видно из разбора выше) не аналитик, не мыслитель, его стихия – компиляции с поспешными, незрелыми, пассивными выводами, но ДНК-генеалогия бы его прикрывала, да и сотрудничество пошло бы ему на пользу. Как Клейн не использовал шанс, который ему давался в 2010-2011 году, так и продолжает брести по тому же пути. Результат мы видим.

Приложение

Клейн, а затем и мы упомянули здесь статью Балановского и др., которая вышла совсем недавно, в конце марта этого, 2017 года, под названием «Генетическая дифференциация между горными и равнинными популяциями сформировала Y-хромосомный ландшафт западной Азии». Название несколько выпендренное, обычно так бывает, когда сказать нечего, кроме как показать данные. И действительно, мол, что вы нового нашли? А мы нашли, что генетическая дифференциация сформировала генетический ландшафт. Забавно, не так ли? Может, это генетический ландшафт сформировал генетическую дифференциацию? Остается вспомнить народную поговорку «что в лоб, что по лбу».

Ну да ладно, что нашли-то в более конкретных положениях? На самом деле статья полезная, в первую очередь (или только) в том, что

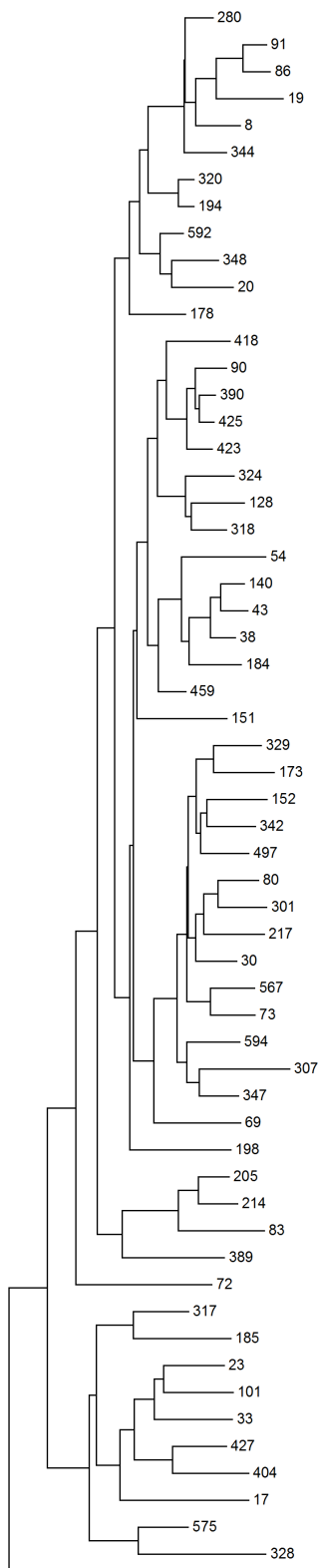
опубликовали 17-маркерные гаплотипы для 597 человек (в Абстракте и статье написано, что для 598 человек, при этом одного имеретинца в числе этих 598 упомянули, но написали что для него «данных нет»; ну это для популяционных генетиков нормально, они аккуратностью никогда не отличались, там еще похуже будет, индекс основного субклада перепутали, вместо Z2103 везде в таблицах десятки раз написали Z2130, которого не существует). Еще одно недоразумение – все 597 гаплотипов относятся к «горным» по происхождению популяциям, в основном к армянам и армянской диаспоре из Ростовской области, Краснодарского края, Адыгеи, Трабзона и Эрзурума (северо-восток Турции), однако из «равнинной популяции» (к которой авторы отнесли Месопотамию, Левант и аравийский полуостров) гаплотипов в статье нет. Карта ниже показывает регионы, из которых брали гаплотипы современных жителей (первая буква А – это «армянская диаспора», Hemsheni это Трабзон, «Дон» - Ростовская область, имеретинцы - из Грузии, лазы - из грузинского Батуми и из Турции).



То, чему авторы придают особое значение и выносят в Абстракт – что потомки ямной археологической культуры (субклад R1b-Z2103) «до настоящего времени проживают в понтийских степях». Тривиальность этого «открытия» поражает, только вместо «понтийские степи» (это, видимо, Ростов, Краснодар и Адыгея) надо написать «территория Российской Федерации и страны Кавказа). Балановскому и его соавторам неплохо было бы обратиться в Академию ДНК-генеалогии, где им сообщат, что из 18 носителей гаплогруппы R1b, тестированных в

Академии, 15, то есть 83%, оказались субклада R1b-Z2103. Это – Москва, Брянск, Калуга, Тверь, Курган, Краснодар, Ставрополь, Башкортостан, Бурятия, Северная Осетия, а также Украина (Полтава, Винница, Белая Церковь), Молдова, Узбекистан. Известно и опубликовано. Надо просто читать литературу по этой тематике. То, что потомки ямной культуры «не характерны» для современной западной Европы, тоже давно опубликовано в наших статьях, академических и научно-популярных.

То, что Балановский с соавторами внимательно описывает, в какой географической точке взяты образцы ДНК (в частности, гаплогруппы R1b-Z2103, которую он называет Z2130, см. выше), это ладно, это работа популяристов. Только надо сказать, что они все по тем регионам перемешаны, так можно было не стараться. На диаграмме показана группа гаплотипов R1b, в которой почти все, за редким исключением, относятся к субкладу Z2103. Из 58 гаплотипов ветви только четыре вклинились из других гаплогрупп (три из гаплогруппы Q, и один из J2). Для довольно коротких 17-маркерных гаплотипов это совсем неплохо, удержать все 54 гаплотипа R1b в одной ветви на общем дереве из 597 гаплотипов. Это означает, что всем этим гаплотипам присущи определенные характерные признаки, то есть аллели.

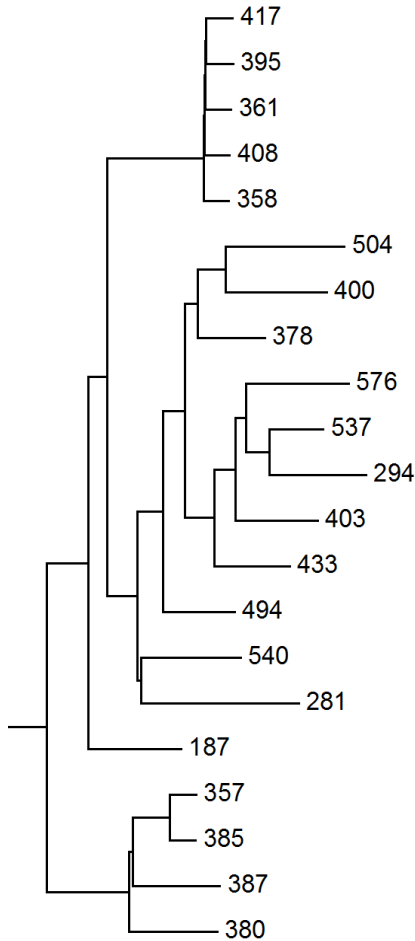


Ветвь гаплогруппы R1b из 54 гаплотипов (плюс четыре случайных гаплотипа из субкладов Q и J2), почти все – субклада R1b-Z2103. Датировка общего предка 5400 ± 600 лет назад. Расчеты по снип-мутациям группой YFull дали для образования снипа R1b-Z2103 время 6200 ± 600 лет назад. Ветвь относится к 17-маркерному дереву из 597 гаплотипов.

Мы видим, что эта ветвь состоит из пяти подветвей, хотя это деление довольно условно, тем более для 17-маркерных гаплотипов. Может, это все-таки отражение разных регионов, в которых гаплотипы собирались? Нет, это не так. Разделение на «подветви» происходит по другим признакам, нежели региональные. Смотрите сами - из Эрзурума происходят гаплотипы с номера 8 до 91, они рассеяны от верхней подветви до нижней, присутствуют во всех «подветвях». Из Трабзона - всего два гаплотипа (101 и 128), первый - в нижней подветви, второй - во второй подветви сверху. Краснодарские (140, 151, 152 и от 307 до 348) - опять рассеяны по всем подветвям. То же и с ростовскими («Дон») гаплотипами, и имеретинскими (четыре гаплотипа разошлись в отдаленные подветви), а «лаз» вообще был один в группе R1b.

Так что причина кажущегося расхождения ветви на «подветви» - не региональные различия в 17-маркерных гаплотипах. Поскольку гаплотипы относительно короткие, то даже небольшие «перепады» в величинах аллелей могут вызвать такой эффект. Все 54 гаплотипа R1b имеют 346 мутаций от базового гаплотипа, что дает $346/54/0.0365 = 176 \rightarrow 216$ условных поколений, то есть 5400 ± 600 лет до общего предка. Калькулятор Килина-Клёсова дает 5393 ± 612 лет (без округления), то есть фактически то же самое. Я не случайно здесь пишу «R1b», потому что пять гаплотипов были типированы в статье как R1b, R1b-M269 (три раза), и R1b-M269(x L23), остальные 49 гаплотипов типированы как R1b-Z2130 (то есть на самом деле Z2103). Если снять эти пять гаплотипов, то датировка времени жизни общего предка получится 5344 ± 613 (без округления), то есть то же самое в пределах погрешности (различие менее чем в 1%). Это действительно похоже на датировки субклада R1b-Z2103, потому что расчет по снип-мутациям дал 6200 ± 600 лет назад, то есть опять в пределах погрешности от расчетов по мутациям в гаплотипах.

Хотя эта статья в основном про гаплогруппу R1b и ее историческую роль в Европе (и, наверное, в Евразии), можно сказать несколько слов и про гаплогруппу R1a в последней статье Балановского с соавторами. Для армянской диаспоры гаплогруппа R1a нехарактерна, и действительно, среди 597 гаплотипов относящихся к R1a было всего 21. Они показаны на диаграмме.



Ветвь гаплогруппы R1a из 21 гаплотипов, из них 13 гаплотипов, по сведениям авторов (Балановский и др.) субклада R1a-M458, остальные восемь – R1a-M198 (xM458), это гаплотипы 187, 294, 357, 494, 504, 537, 540 и 576). Датировка общего предка 4630 ± 660 лет назад, но если рассчитывать только по девяти типированным M458, то их общий предок жил 4540 ± 790 лет назад, что практически одно и то же. Расчеты по восьми R1a-M198(xM458) дают время жизни общего предка 3320 ± 660 лет назад. Расчеты по снип-мутациям группой YFull дали для образования снипа R1a-M458 время 4700 ± 900 лет назад.

Мы видим на диаграмме верхнюю плоскую ветвь из пяти гаплотипов, мутаций между ними нет, что означает, что их общий предок жил примерно 140 ± 140 лет назад. Неопределенность в датировке в данном контексте нас не должна напрягать, главное то, что это очень недавняя ветвь. Балановский с соавторами отнесли ее к R1a-M458. Ее базовый гаплотип

13 25 16 10 11 14 10 13 11 31 15 14 21 11 15 11 25

Но, зная популяционную генетику, нас уже не смущает то, что этот гаплотип вовсе не похож на гаплотипы R1a-M458. Конечно, эта ветвь совсем недавняя, и

гаплотип мог по мутациям «уплыть» в сторону от известных базовых гаплотипов М458, три наиболее известных из которых имеют вид в том же 17-маркерном варианте:

13 25 16 10 11 14 11 13 11 **29 16 14 20 11 17 11 23** (M458-YP509)

13 25 16 10 11 14 11 13 11 **29 16 14 20 11 17 11 23** (M458-L1029)

13 25 **17 10 10** 14 10 13 11 **30 16 14 20 11 16 11 23** (M458-L260)

Красным цветом отмечены мутации от базовых гаплотипов трех субкладов М458, и во всех трех случаях там по 8 мутаций. Это очень много, и соответствует дистанции от базовых (предковых) гаплотипов субкладов М458 до этой плоской ветви примерно в 9275 лет. Иначе говоря, чтобы плоская ветвь имела любой из субкладов М458, должно произойти что-то крайне неортодоксальное (поскольку сам М458 образовался «всего» 4700 лет назад). Но есть несравненно более простое объяснение – с этой М458 авторы статьи просто ошиблись, причем ошибались систематически, все 21 раз типирования. Это трудно представить, но с «командой Балановского» ничего невозможного нет.

Посмотрим не на плоскую ветвь, а на все остальные десять гаплотипов, тоже типированных Балановским на М458. Их базовый гаплотип

13 25 16 **11 11 14 10** 13 11 **30 15 14 20 12 16 11 24**

От приведенных выше трех базовых гаплотипов основных субкладов М458 он отличается на 7, 7 и 6 мутаций, что отдаляет его от предкового (базового) гаплотипа М458 на 6025, 6025 и 4975 лет, соответственно (семь мутаций для примера отмечены). По данным Y-Full эти три субклада образовались соответственно 3200, 3200 и 4500 лет назад (погрешности опущены). Третий вариант, «западно-славянский» субклад L260, проходит по грани, но найти его у армянской диаспоры дело тоже не очень вероятное. Проще предположить, что авторы ошиблись.

Но какой субклад R1a это может быть? С этим проще. Это с хорошей вероятностью восточно-карпатская ветвь, субклад R1a-Y2902, образовался 4300±800 лет назад (расчет по снип-мутациям компанией YFull. Его базовый гаплотип

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 15 14 20 11 16 11 23

Разница с плоской ветвью на диаграмме -

13 25 16 **10** 11 14 10 13 11 **31 15 14 21 11 15 11 25**

шесть мутаций,

а с базовым гаплотипом «M458» ветви -

13 25 16 11 11 14 10 13 11 30 15 14 20 **12** 16 11 **24**

всего две мутации, или скорее всего даже одна, поскольку в системе 17-маркерных гаплотипов GATA H4 записывается на единицу выше, и при переводе гаплотипов из статьи Балановского в более принятый формат четвертая от конца аллель переходит из 12 в 11, то есть одна мутация из двух исчезает.

Так что мой совет Балановскому – перетипировать гаплотипы серии «M458» и снять ошибки.

В чем суть этого Приложения? Суть в том, что ценность популяционных генетиков – только в их предоставлении первичных экспериментальных данных, хоть обычно неряшливо и с ошибками, но предоставляют. За это им спасибо. А вот что касается интерпретаций – то там обычно дело плохо. То, что им представляется новизной (за исключением тех же гаплотипов), либо новизной не является, поскольку уже было не раз опубликовано, либо является неинформативным сумбуром, либо просто неверными положениями, натянутыми, подогнанными под некую «концепцию», научной основы у которой нет или она сильно искажена.

А причем здесь Клейн, спросит читатель? А при том, что Клейн все это дело проглатывает, не понимая, что это в основном мусор, он принимает этот мусор или банальности за чистую монету, потому что совершенно не разбирается, и что самое печальное – начинает это «развивать». Когда-то, на заре «перестройки», был популярен саркастический (печально) юмористический рассказ под названием «Остановите Потапова». Так вот, остановите Клейна. Давно пора. Давно пора было и Балановского остановить, но тот хоть гаплотипы публикует. И терпентин на что-нибудь полезен.

Шквал новых данных в начале 2017 года по молекулярной истории человечества

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

В заглавие этой статьи можно было бы поставить «по молекулярной археологии человечества», поскольку археология, как известно, это наука, изучающая прошлое человечества по вещественным источникам. Поскольку «вещественные источники» в рассматриваемых в настоящей статье материалах – это ископаемые ДНК человека, то предмет исследования – источники молекулярной природы. Более того, мы выйдем за пределы археологии при обсуждении материала, потому речь пойдет о молекулярной истории, или, по-другому, о ДНК-генеалогии человечества.

В наших публикациях мы много раз говорили о том, что наступает время, когда историки поймут, что без данных ДНК-генеалогии их наука прогрессивно отстает от того, какой могла бы быть. К сожалению, среди современных историков только единицы поняли эту простую мысль. Подавляющее большинство хранят глухое молчание, а некоторые, напротив, заняли агрессивную позицию, «нападая» на ДНК-генеалогию и при этом показывая полную безграмотность, непонимание базовых основ новой науки. Можно было бы перечислить наиболее одиозных, но зачем? Им уже досталось на страницах «Переформата», в книге «Кому мешают ДНК-генеалогия» (2016, 845 стр.).

Но все-таки приведу недавний пример, когда некто И. Коломийцев, который называет себя историком (хотя другие историки это оспаривают, одна из цитат – «хоть и учился на истфаке Кубанского университета, но профессионально работал журналистом и занимался общественной деятельностью и политикой»), упоминает, что ДНК-генеалогия в моем лице якобы описывает «вечно победоносных славяно-ариев». Здесь Коломийцев исказил вдвойне – во-первых, никогда, ни в одной моей статье или книге нет оборота «славяно-арии», и я всегда подчеркиваю, что славяне и арии принадлежат разным эпохам; во-вторых, нигде и никогда у меня не было про «вечно победоносных» ни славян, ни ариев. У меня просто нет об этом сведений, напротив, я многократно писал, что арии были изгнаны из Европы и перешли на Русскую равнину в начале III тыс до н.э., около 5 тысяч лет назад. Балтийские славяне были, к сожалению, в значительной части онемечены еще в средние века, что «победоносностью» никак не назвать.

Возможно, что Коломийцев не читал моих статей и книг, и пишет свою ерунду просто понаслышке, или вследствие агрессивной глупости. Но тогда особенно занятно, что Коломийцев жалуется – *«пока всё, что я получаю – нападки и откровенные угрозы... под видом критики от «серьёзных учёных», не соизволивших даже прочесть мои произведения»*. Выходит, он не только лжец, но и лицемер. А поскольку, по его словам, его критикуют и «со стороны так называемых 'патриотов'», то он, похоже, еще и русофоб. Язвительный оборот про «вечно победоносных» в отношении славян (или ариев) выдает его с головой.

Вот такие, с позволения сказать, «историки». Из всех исследований по истории ариев и истории славян, как и истории других этносов и народов, в том числе с привлечением ископаемых ДНК (гаплотипы и гаплогруппы Y-хромосомы) и рассмотрения соответствующих данных археологии и генезиса археологических культур в свете данных ДНК-генеалогии, их внимание привлекли только «славяно-арии», которых они сами же и выдумали. Страшно далеки они от науки.

На самом же деле место и роль ДНК-генеалогии в пересмотре и дополнении многих выводов истории и археологии, в ряде случаев и языкознания, описаны в десятках научно-популярных и научных статей в период 2009-2017 гг, а также в нескольких книгах, последняя – «История ариев и эрбинов» (2017), в которой подробно описаны и проанализированы результаты исследований десятков ископаемых ДНК, и обнаружено немало нестыковок и явных ошибок в академических интерпретациях археологических данных. Как я не раз подчеркивал, ДНК-генеалогия не ставит своей целью занять место археологии, истории, антропологии, языкознания, или потеснить их. Ничего подобного. У ДНК-генеалогии своя методология, свой характер описания результатов и выводов, свой расчетный аппарат, зачастую своя терминология, особенно когда принятая терминология является фактически устаревшей, ограниченной, или в ней просто нет терминов для явлений и событий, которые открывает ДНК-генеалогия.

Но поскольку подавляющее большинство археологов и историков пока бездействуют, тем самым откровенно устранившись от рассмотрения вклада ДНК-генеалогии в свои дисциплины, и тем самым фактически предавая свои дисциплины, ДНК-генеалогия вынуждена заполнять вакуум. Это происходит с надеждой, что когда-нибудь, желательно в скором будущем, археологи и историки, а также лингвисты поймут, что время устаревших представлений уходит, и пора браться за работу, наверстывать упущенное. Появятся новые члены Национальных Академий наук за работы с привлечением ДНК-генеалогии. Это неизбежно, и первые выборы уже произошли – автор этой статьи избран в Национальную Академию наук Грузии (НАНГ) именно после доклада на Президиуме НАНГ по ДНК-генеалогии народов Кавказа.

Представление произошло сразу двумя Президентами Академии – Т.В. Гамкрелидзе (недавно оставившим пост) и Г.И. Квеситадзе (недавно избранным Президентом), и затем (через два месяца) единогласно одобрено Общим собранием Академии. И хотя избранный академик числится по отделению биохимии, просто потому, что отделения ДНК-генеалогии в Академии пока не существует, да и потому, что по признанию Академии он внес крупный вклад в биохимию, в частности, в медицинскую биохимию (о чем и была большая инаугурационная статья в Бюллетене НАНГ), все в НАНГ понимали, что главным на выборах был вклад в ДНК-генеалогию.

Пишу об этом потому, чтобы дать пример молодым (и не обязательно молодым) исследователям. С почином, так сказать.

На этой оптимистической ноте возвращаемся к основной теме статьи. В первые два месяца 2017 года прошел буквальный шквал статей по ископаемым ДНК, опубликованы десятки и сотни новых данных по гаплогруппам-субкладам в различных регионах Европы. Это позволяет получить значительно более продвинутое представление о миграциях древних народов и их потомков, о формировании новых популяций, часть из которых продолжают жить в виде этносов и в наше время, о том, кто в родовом отношении были обитателями ряда древних археологических культур, порой о взаимосвязи между этими культурами. Впрочем, для этих публикаций характерны и недостатки – авторы статей, как правило, генетики, не владеют ДНК-генеалогией, и потому либо вообще не публикуют гаплогруппы-субклады (про гаплотипы и говорить не приходится, их рассмотрение генетиками и популяционными генетиками практически никогда не проводится, они просто не знают, как это делать, ограничиваясь в лучшем случае расчетами их «разнообразия», никому и никогда не нужное), или выводят их в «Приложения», просто для упоминания. По той же причине авторы статей не владеют достаточно полной картиной современных представлений ДНК-генеалогии о миграциях носителей гаплогрупп по Евразии, у них отсутствует целостность представлений, и они в лучшем случае просто приводят сведения о гаплогруппах-субкладах, найденных в той или иной археологической культуре. Это на самом деле наиболее ценные у них сведения, другого от них и не надо. Но в худшем случае гаплогруппы-субклады не приводят, ограничиваясь некими диаграммами «метода принципиальных компонент», которые практически всегда приводят авторов либо к вязким неопределенностям, либо к принципиально неверным представлениям, противоречащим другим, несравненно более надежным данным и выводам, о которых авторы, судя по описанию, не имеют представления.

Поэтому прежде чем начинать приводить данные по гаплогруппам-субкладам (там, где гаплотипы не определялись, мы будем сообщать),

дадим краткую сводку о том, что уже было известно (и что неизвестно) к настоящему времени. Тогда будет понятнее значимость новых находок ископаемых ДНК – что они подтвердили из того, что уже было известно или предполагалось ранее («на кончике пера»), что явно противоречит тому, что было найдено или предположено ранее, и что из найденного является принципиальным и долгожданным продвижением науки вперед. Иначе говоря, как изменилась картина наших представлений о древнем мире.

Напомним о результатах наших исследований методами ДНК-генеалогии

В этом разделе мы приведем основные результаты наших исследований, опубликованные в период с 2008 до 2017 гг, иногда в сопровождении результатов других исследователей (как правило, с ископаемыми ДНК). Общий предок современных носителей неафриканских гаплогрупп жил 64 ± 6 тысяч лет назад, после прохождения бутылочного горлышка человечеством (в том числе, видимо, и неафриканским) в результате катастрофы планетарного масштаба. Это – наиболее вероятный сценарий, хотя другие пока не исключены, но они пока не предлагались с достаточными основаниями. Этот предок имел бета-гаплогруппу, или гаплогруппу ВТ, от которой образовались все гаплогруппы от В до Т в период времени от указанного до примерно 43 тысячи лет назад (гаплогруппа Т) и 37 тысяч лет назад (гаплогруппы N и O). Самые представленные в численном отношении в Европе, гаплогруппы R1a и R1b образовались примерно 24300 и 21300 лет назад, соответственно, при определенных погрешностях расчетов (в линии гаплогруппы R1a среди ста человек имеется от 156 до 187 снипов на фрагмент нуклеотида размером 8.57 млн нуклеотидов, и в линии гаплогруппы R1b имеется от 129 до 165 снипов, что при 144 годах на снип дает приведенные датировки). Это подробно объяснено в Лекции 6 (в курсе из 18 видеолекций). Коллектив YFull округляет различия и приводит датировки 22800 ± 2300 лет назад для обеих гаплогрупп, R1a и R1b.

Гаплогруппы R1a и R1b образовались, видимо, в Южной Сибири, хотя прямых данных к тому нет, хотя их предковая гаплогруппа R найдена в ископаемых костных остатках в Южной Сибири (рядом с Байкалом) с датировкой 24 тысячи лет назад, и там же, на Ангаре, найдена ископаемая гаплогруппа R1a с датировкой примерно 8500 лет назад. Гаплогруппа R1a с относительно близкой датировкой 7265 ± 250 лет назад была найдена в Карелии, на Южном Оленьем острове. Все эти датировки не противоречат друг другу, как и тому, что носители гаплогрупп R1a и R1b пришли длинными миграционными путями из Южной Сибири в Европу. Детали миграционных путей обеих гаплогрупп по Евразии пока остаются неизвестными, но в общих чертах их можно изложить следующим образом.

По современным представлениям ДНК-генеалогии носители гаплогруппы R1a пришли в Европу по «южной дуге», через Иранское плато и Анатолию, прибыли на Балканы примерно 9-8 тысяч лет назад, расселились по Европе, и около 5000 лет назад, после (или в процессе) разделения на две основные ветви арийского субклада R1a-Z645, который образовался примерно 5500 лет назад, прибыли на восточную сторону Карпат и расселились по Восточно-Европейской равнине. С этой датировкой согласуется время расхождения индоевропейских языков на ветви. Эти ветви в первую очередь могли представлять северно-арийская (R1a-Z280) и южно-арийская (R1a-Z93) популяции. Первые остались на Русской равнине, вторые разошлись примерно 4500 лет назад по разным направлениям – южное, через Кавказ, которое примерно 4000 лет назад образовало митаннийских ариев (часть современной территории Сирии), хеттов (прилегающая и отчасти пересекающаяся первой часть Анатолии); юго-восточное, в направлении Средней Азии и гор Таджикистана, с последующим переходом (примерно 3500 лет назад) на Иранское плато; восточное, в направлении Южного Урала и БМАК (Бактрийско-Маргианский археологический комплекс, 4200-3800 лет назад), и далее с переходом в Индостан примерно 3500 лет назад. Датировки ископаемых носителей гаплогруппы R1a в синташтинской культуре составляют 4030 ± 115 и 4190 ± 130 лет назад, датировка древнего поселения, южноуральского Аркаима (название современное), составляет 3800-3600 лет назад, по данным археологов.

Все эти датировки в целом согласуются друг с другом, хотя детальный маршрут перехода ариев в Индию остается неизвестным (возможно, через территорию современного Афганистана, возможно, через БМАК, возможно, другими путями), и археология перехода ариев в Индию пока отсутствует. Все ископаемые ДНК на этом пути (включая срубную, потаповскую, андроновскую археологические культуры), характеризуются гаплогруппой R1a-Z93 и ее нижестоящими субкладами Z94, Z2123, Z2124, или субкладом R1a-Z645, видимо, недотипированным. Практически все носители гаплогруппы R1a в современной Индии имеют субклады Z2123 и L657. Если маршрут первого уже хорошо известен, он пришел с северо-запада и севера, это субклад срубной культуры и затем синташтинской, то ископаемые L657 пока не найдены. Не исключено, что субклад R1a-L657 прибыл из стран Ближнего Востока, где среди арабов в настоящее время он широко распространен. Правда, небольшие количества L657 найдены в Казахстане и Иране, но туда они могли попасть обратным путем, из Индии или с Ближнего Востока.

Наконец, еще одна протяженная миграция ариев прошла в Зауралье – до Алтая (обычно субклад R1a-Z93 и нижестоящие Z2124, как в карасукской культуре, и R1a-Z645, видимо, недотипированные) и до Китая. На Алтае – пазырыкская культура (современные жители тех мест

имеют в основном гаплогруппу R1a-Z93), там же ареал возникновения культур скифского круга. Оттуда скифы, носители (в частности) R1a-Z93, кочевали до Черноморского побережья и обратно, по степным лугам и лесостепным полосам Евразии. Скифы, конечно, имели не только гаплогруппу R1a, у них были разнообразные гаплогруппы, такие, как R1b, J2, G2a, Q, и говорили они, определенно, не только на языках индоевропейской группы, но и на тюркских языках. От них как ИЕ языки, так и тюркские языки, пришли на Кавказ.

Недавно были изучены два образца ископаемых ДНК из хазарских захоронений, датированных концом VII – началом VIII вв, и концом VIII – началом IX вв, оба имели гаплогруппу R1a-Z93 (Klyosov, Faleeva, Adv. Anthropol., 2017).

В наших статьях неоднократно предполагалось, что носители гаплогруппы R1a с древнейших времен, а именно со времен выхода на Русскую равнину, около 5000 лет назад, обживали побережье Балтийского моря. Там они намного позже встретились с носителями гаплогруппы N1a1 (старое название N1c1), которые вышли на Русскую равнину со стороны Урала 3000-3200 лет назад, и вряд ли ранее 3500 лет назад, и прибыли на берега Южной Балтики в середине I тыс до н.э., то есть примерно 2500 лет назад, и на территорию современной Финляндии 2000-1500 лет назад. Никакого «финно-угорского субстрата» на Русской равнине ДНК-генеалогия не находит, равно и никакой «ассимиляции» «местных финно-угров прибывшими славянами». Это – пункт у Балановского, о чем он не устает говорить, как и опять в недавней радиопередаче. Ну не нравятся ему славяне, вот и придумывает для них всяческие «политически некорректные» действия, к восторгу либеральных кругов, но не давая никаких научных обоснований.

Именно потому, что носители гаплогруппы N1a1 прибыли на Русскую равнину (включая ее север) довольно поздно, намного позже, чем носители R1a, то для меня всегда было удивительно, как популяристы вместе с немногими историками отдают культуру ямочно-гребенчатой керамики гаплогруппе N1a1. Данных на этот счет вообще не было, поэтому не стоило вообще на этот счет высказываться, тем более «по понятиям». Но это уже было в Википедии, опять, конечно, с подачи популяристов, поэтому не менять же тем же популяристам. На самом деле это до последнего времени оставалось неизвестным, а как там было – будет описано и систематизировано в настоящей статье.

Гаплогруппа R1b пришла в Европу по «северной дуге», со стороны Южной Сибири (хотя прямых доказательств и деталей миграции опять нет), через Южный Урал, Северный Казахстан, культуры Тургайского прогиба, образуя по пути многочисленные археологические культуры, в

том числе терсекская, суртандинская, маханджарская, ботайская, хвалынская, самарская, средневожская, ямная, ранняя катакомбная и другие. Прямых доказательств, что это были культуры эрбинов, носителей R1b, не было, но были многочисленные косвенные доказательства (как, например, положения костяка на спине), подробно, со многими примерами изложенное на Переформате в статье (в двух частях) «Как Западную Европу заселили новые европейцы» еще три года назад. Это всё, с перечислением культур, включая хвалынскую и ямную, было изложено в статье «Древняя история эрбинов» в журнале *Advances in Anthropology* еще в 2012 году, пять лет назад, и в недавней книге «История ариев и эрбинов» (2017). Многие отнесли к этому с недоверием, пошгенетики, ссылаясь на историков, утверждали, что это невозможно, что насельники ямной культуры были индоевропейцами, следуя теориям Гимбутас, а значит, у них должна была быть гаплогруппа R1a, и так далее. Все возражения рассыпались в 2015 году, когда было опубликовано (Haak, Nature, 2015; Allentoft, Nature, 2015), что одиннадцать ископаемых ДНК ямной культуры имели гаплогруппу R1b (плюс одна забредшая гаплогруппа I2a в Калмыкии, с датировкой 4510±350 лет назад). В хвалынской культуре у трех образцов оказались три разных гаплогруппы – R1b, R1a и Q1a, все с археологической датировкой 6615±600 лет назад, что для арийской R1a совершенно нехарактерно, датировка слишком древняя. Иначе говоря, этот образец не из тех R1a, что пришли в те края через две тысячи лет из Европы, и не удивительно, что он был погребен по обычаям эрбинов, на спине.

Оказалось, что доминирующим субкладом в ямной культуре был R1b-Z2103, археологическая датировка 5300-4500 лет назад, и его носители сейчас во множестве живут на Кавказе, это там основной субклад гаплогруппы R1b. Через Кавказ его носители прошли в Месопотамию, и в обход Черного моря прошли на Балканы, разойдясь по юго-восточной Европе. В центральной и западной Европе его почти нет, там доминируют носители нижестоящих субкладов гаплогруппы R1b-L11, потомков культуры колоколовидных кубков.

Гаплогруппы G2a и I2 доминировали в Старой Европе, то есть до середины III тыс до н.э. (примерно 4500 лет назад), затем практически исчезли, как, впрочем, и европейские носители гаплогрупп R1a и E1b. Все они прошли бутылочное горлышко популяции примерно 4500 лет назад, и возродились из немногих, видимо, выживших носителей этих гаплогрупп, или небольшое время спустя, но на периферии Европы, G2a – в Малой Азии и на Кавказе; I2 – на Британских островах и намного позже на Дунае-Карпатах, R1a – на Среднерусской возвышенности, E1b – на Балканах, ареал возрождения гаплогруппы I1 неясен, их гаплотипы практически одинаковы по всей Европе, но наибольшее их количество сейчас в Скандинавии – неизвестно, они там возродились, или туда переместились примерно 3700 лет назад из какого-то другого места.

Вот так представляется картина перемещений, миграций племен и народов по современным представлениям, без учета новых публикаций первых двух месяцев 2017 года. Рассмотрим, как новые данные изменили эту картину.

Новые данные первых двух месяцев 2017 года

Ископаемые гаплогруппы R1a на территории современной Эстонии - археологические культуры ямочно-гребенчатой керамики (6200 - 4000 лет назад) и шнуровой керамики (5200-4300 лет назад)

Введение

Конечно, «ископаемые гаплогруппы» в названии данного раздела - это «скоропись», более правильно было бы написать «ископаемые костные остатки, из которых была извлечена ДНК, в которой были выявлены специфические мутации гаплогруппы R1a». Но каждый раз повторять это неудобно, так что давайте примиримся со скорописью. В научных описаниях часто применяют подобную скоропись и даже многобуквенные сокращения.

Поясним, что культура ямочно-гребенчатой керамики (КЯГК, иногда называют «гребенчатой керамики») - это археологическая культура (точнее - «культурно-историческая общность») каменного века на северо-востоке Европы, ее обычно датируют временами 6200-4000 лет назад; в статье, которую сейчас рассмотрим, для нее приводят датировки 5900-3800 лет назад, видимо, потому что именно таковы археологические датировки костных остатков, в которых анализировали ДНК. На карте, приведенной в Википедии, регион этой культуры расположен в верхней правой части. Видно, что туда попадает часть территории современной России, Белорусии, Прибалтики.

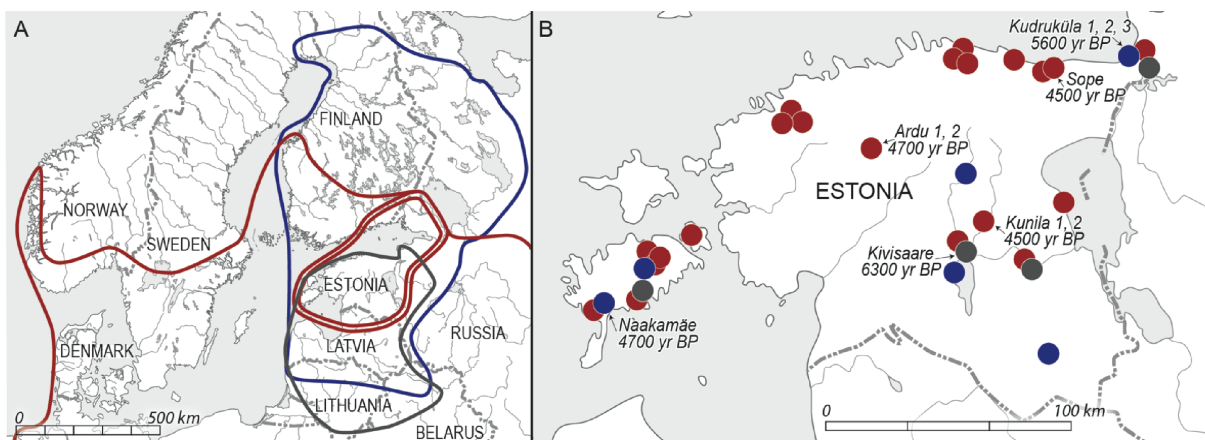


Не очень понятно, почему, но популяционные генетики настойчиво приписывали КЯГК гаплогруппу N, называли культуру «финно-угорской», и цитировали немногих антропологов, которые утверждали, что насельники этой культуры относились к уральской расе, и в их ископаемых скелетах «обнаруживали монголоидные элементы». Правда, в Википедии после этих описаний есть примечание «неавторитетный источник», и стоит требование предоставить дополнительную информацию, которая так и не была представлена. Поэтому все, видимо, поггенетики ожидали, что ископаемая ДНК из КЯГК покажет гаплогруппу N (с соответствующими подгруппами), и они, поггенетики, опять будут повторять про «финно-угорский субстрат» по всей Русской равнине, и про то, что пришли славяне и всех ассимилировали. В том числе и эстонцев, и литовцев с латышами, у которых всех примерно по половине мужского населения имеют гаплогруппы R1a и N1a1, но R1a – это, само собой, гаплогруппа якобы оккупантов.

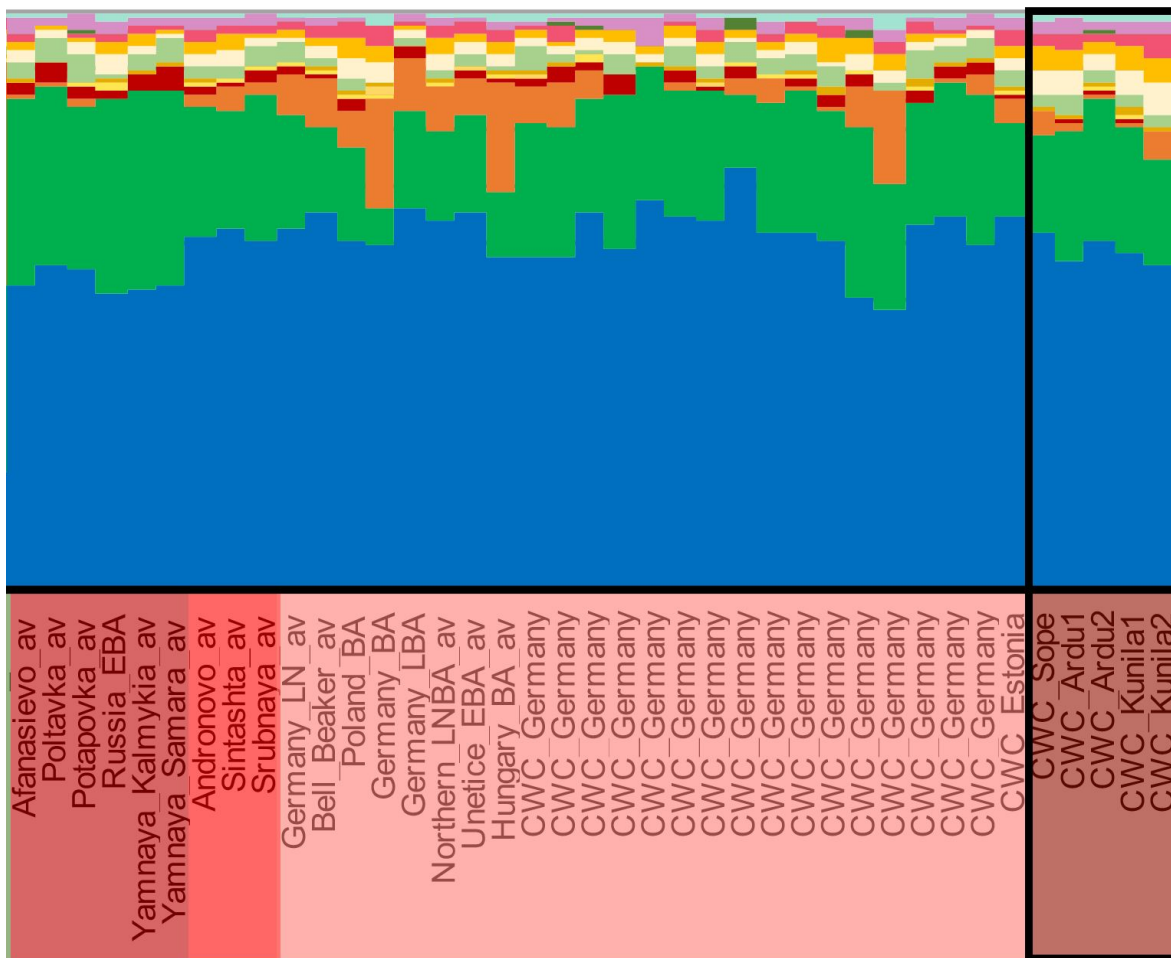
Разбор статьи

В марте 2017 года вышла статья Saag с коллективом в 14 авторов, из которых более половины – сотрудники научных центров Эстонии, хотя выделение и анализ ископаемых ДНК проводили в Центре геогенетики в Дании под руководством уже знакомого нам Eske Willerslew. Статья опубликована как препринт в издании bioRxiv, но нет больших сомнений, что она вскоре появится в Nature. Название статьи – *«Экстенсивное фермерство в Эстонии началось путем миграций из Степи, несбалансированных в половом отношении»*. Название, надо сказать, весьма бестолковое, особенно учитывая то, на чем было основано это «несбалансированное». А основано это было на том, что достаточно произвольный анализ фрагментов ДНК, так называемый «outgroup f3 анализ», дал ряд выпадающих точек, что было интерпретировано авторами так, что распространение культуры шнуrowой керамики (КШК) в Эстонию указывало на мужских предков из Степи, а женских предков – на ранних европейских фермеров (или фермерш). Вот и всё, авторы решили, что мужчины «несли гены» из степи, а женщины – из Европы, и авторы внесли это в название статьи, так высоко оценили эту «находку». Видимо, посчитали самым важным во всей работе. Хотя можно было бы подумать, что при датировках КШК в Эстонии от 4800 лет назад вкуче с гаплогруппой R1a никакой «степи» там быть просто не могло. КШК распространялась из Европы начиная примерно с 5200-5000 лет назад, и в Эстонии была еще на ранней стадии. В степи они ушли, опять же из Европы, уже заметно позже. Так что с гаплогруппой R1a «из степи» 4800 лет назад, да и позже, авторы определенно ошиблись. Это не единственная ошибка в статье, там их много, о чем упомянем ниже.

На карте, взятой из статьи, указаны захоронения, из которых извлекли ископаемые ДНК. Слева цветными контурами показаны части ареалов культуры шнуrowой керамики (красным цветом), причем двойной красной окантовкой показан «эпицентр» захоронений, отнесенных к данной культуре; синим цветом – культуры ямочно-гребенчатой керамики, и серым, в самой нижней части карты, нарвской культуры (захоронения с датировкой 6400-6200 лет назад), в которой, впрочем, из найденных археологами 26 скелетов был выбран для исследований только один, скелет девочки, и в нем нашли мтДНК U5a2d. Это мало о чем говорит, поскольку U5 – это типичная митохондриальная гаплогруппа Евразии древнейших времен. Справа на карте отмечены места захоронений (в том числе и тех, которые в статье не изучали), теми же цветами: темно-серым – нарвской культуры, темно-синим – культуры ямочно-гребенчатой керамики, темно-красным – культуры шнуrowой керамики.



Мы кратко перечислим гаплогруппы с субкладами, которые нашли авторы. Остальное, что описывают авторы статьи, не стоит того, чтобы на этом останавливаться. Как обычно, это вязкие, неуверенные рефлексии, которые уже стали визитной карточкой не только самих авторов, но популяционной тематики в целом. И понятно, почему вязкие и неуверенные. В отличие от четких и однозначных показателей ДНК-генеалогии – конкретной гаплогруппы, соответствующего субклада (хотя субклады часто бывают недотипированы), конкретного гаплотипа (хотя гаплотипы бывают относительно короткие или протяженные), в данной статье, как и других подобных, идет сплошной произвол как в представлении, так и рассмотрении данных. Вот – простой пример. На диаграмме ниже приведены «результаты анализа ADMIXTURE при K14 для 225 древних образцов ДНК», где «ADMIXTURE» - это кодовое слово, означающее «примесность». Мы сейчас увидим, что оно дает. А K14 – это произвольно выбранная степень разложения геномов, усредненных или индивидуальных, на 14 компонентов. Такое число компонентов – потому что так решили. Могли бы выбрать любое число компонентов, скажем, 8, или 6, или 10, и в каждом случае диаграмма была бы другой. Выбранное число считается высокой степенью разложения.



Цвета на диаграмме – это «референсные» геномы, тоже усредненные, поперек всех гаплогрупп, поперек геномов мужчин и женщин, без разбора. Взяли древние геномы, назвали их, например, «степные EMBA» (это темно-красные на диаграмме ниже), степные MLBA» (светло-красные), «степные EN» (голубые), «европейские LNBA» (розовые), «анатолийские/левантийские EF» (темно-зеленые), «европейские EF» (светло-зеленые), «Европейские HG» (голубые), «Степные EN» (тоже голубые), «кавказские/иранские HG» (серо-зеленые), «палеолитические HG» (темно-серые), усреднили в каждой категории, и нанесли на диаграмму ниже. EMBA – это ранний-средний бронзовый век, MLBA – средний-поздний бронзовый век, LNBA – поздний неолит – бронзовый век, EN – энеолит, EF – ранние фермеры, HG – охотники-собиратели. Усредняют, повторяю, без разбора, чохом. Например, в хвальинской культуре нашли три образца ДНК, один гаплогруппы R1b, другой – Q1a, третий – R1a. Все три усреднили, разложили по цветам, назвали Samara_Eneolithic_av, где av – это и есть «average, то есть усредненный»), он оказался точно таким же, как для срубной культуры, андроновской, синташтинской, шнуровой керамики, то есть больше, чем наполовину синий, на треть зеленый, на одну десятую темно-красный, и по крохам

светло-зеленый и еще пару совсем минорных цветов. Но проблема в том, что срубные, андроновские, синташтинские, шнуровики – все R1a, так они и были определены для использованных здесь ископаемых ДНК. А хвалынский – усреднен по трем разным гаплогруппам, и всё равно получилось то же самое. Ну и что это дает? Как что – по ним «происхождение» устанавливают. Сравнивают, и если похожи, значит, происхождение одинаковое. Представляете?

Короче, все они на 50-60% «европейские охотники-собиратели» (голубые), они же «степные энеолитические», на 20-30% «анатолийские-левантийские ранние фермеры», на крошку «степные ранний-средний бронзовый век», еще на крошку – «ранние (европейские) фермеры». Представляете? И ямная культура, и хвалынская, и европейская культура шнуровой керамики, и вообще практически все. И шнуровая керамика Германии, и колоколовидные кубки, и синташтинцы, и вообще все. И знаете, почему? А потому, что сказать ничего более определенного просто невозможно, методология такая. Вязкая, расплывчатая, уклончивая.

Посмотрим еще раз на диаграмму. Там все практически одинаковы – и геном афанасьевской культуры (опять «усредненный»), и полтавкинской (R1b), и потаповской (R1a), и ямной (R1b, как в Самаре, так и в Калмыкии), и андроновской (R1a), и синташтинской (R1a), и срубной (R1a), и культуры колоколовидных кубков (R1b), и полтора десятка образцов культуры шнуровой керамики (все R1a), и эстонские образцы культуры шнуровой керамики (все четыре R1a), и один женский (Sore), в котором никаких мужских гаплогрупп нет и быть не могло – и опять идентичная диаграмма, как у всех прочих. Так что эта диаграмма показывает? Да, в общем, что-то показывает, она же объективная реальность, данная нам ощущением, зрительным во всяком случае. Только что показывает – так это откровенную профанацию. По сути – ничего не показывает, но обсуждается на многих страницах статьи, делаются выводы, хотя можно без затруднений делать и противоположные. Вот авторы и пишут (здесь умышленно дается буквальный перевод – оцените обычную для подобных статей вязкость теста):

«Контрастирующая картина частоты аллелей аутосом по сравнению с X-хромосомными при аутогруппном анализе f3 показывает, что X-хромосомы культуры шнуровой керамики намного более подобны популяции ранних фермеров как в Анатолии/Леванте, так и в Европе. Однако, на аутосомах мы видим противоположное – большинство европейских охотников-собирателей/степных энеолитических популяций, степных EMBA и CHG/древних иранских популяций имеют тенденцию к более высоким величинам f3».

Кто что понял? И вот так – сплошная статья.

Ладно, обсуждать это никакого смысла не имеет. Ни на один вопрос, который можно поставить, статья ответов не дает. Кстати, статья, приведя в таблице гаплогруппы шести образцов (один из культуры ямочно-ребенчатой керамики, и пять из культуры шнуровой керамики), их практически не обсуждает, и тут же переключается на бессмысленные по сути обсуждения диаграммы, приведенной выше. В частности, опять о том, что «диффузия из степей [ссылка на М. Гимбутас, 1956 год], как недавно было поддержано изучением аутосомных ДНК [ссылка на «широкогеномные» статьи 2015 г, Наак и др. и Allentoft и др., Nature] показало ассоциацию с появлением культуры шнуровой керамики в Европе». Замечаете уклончивый стиль, типичный для поппенетиков? «Показало ассоциацию с появлением культуры...». Я уже не раз цитировал директора института археологии в США, которая назвала фантастической безграмотностью положение упомянутых «широкогеномных статей», авторы которых связали ямную культуру с появлением культуры шнуровой керамики в Европе. Это было в 2015 году, и исходная статья, и критика (сначала на Переформате, затем американским археологом) давно прошла, сейчас уже 2017 год, но авторы, видимо, необучаемы.

Так что там с гаплогруппами Y-хромосомы? В нарвской культуре не определяли. В ямочно-ребенчатой культуре определяли в одном образце (с датировкой 5900-3800 лет назад), гаплогруппа R1a-M459-YP1272, в пяти образцах культуры шнуровой керамики (датировки 4800-4500-4300 лет назад, определены радиоуглеродным методом) – все R1a-Z645, но любители из сети разобрались с их геномами в базе данных, и сообщили, что в двух случаях из пяти Z645 – это недотипировано, должно быть Z283 и Z282, то есть дополнительные нисходящие сніпы. В захоронении Sore (северо-восток Эстонии, см. карту выше) изучили два скелетных материала, обе оказались женщинами, гаплогруппы мтДНК H5a и H5a1, датировки 4575-4350 лет назад. Но авторы пишут, что там найдены захоронения 10 человек, все лежат в скорченном положении на боку, что, как пишут авторы, характерно для Эстонии и для всего восточно-балтийского региона. Но это (о чем авторы не пишут) – характерное положение костяка для носителей гаплогруппы R1a, мужчины на правом боку, голова в направлении на запад, женщины на левом боку, голова на восток, все лицом на юг. Таким образом, есть основания полагать, что в культуре шнуровой керамики восточно-балтийского региона конца – середины III тыс до н.э. среди мужчин преобладали (или были практически исключительно) носители гаплогруппы R1a.

Вот, собственно, и все, что в статье стоит читать. И статья сразу становится значимой.

Она значима, потому что ее экспериментальные данные отвечает на несколько важных вопросов. Они (данные) опровергают «положение», которого держались популяристы много лет, что ямочно-гребенчатая культура была исключительно культурой носителей гаплогруппы N. Это было краеугольным камнем «положения» о «финно-угорском субстрате» на Русском Севере и на Русской равнине, и о преобладающем населении там гаплогруппы N. Ничего из этого не подтверждается, куда ни посмотри. Например, в межовской культуре позднего бронзового века, на севере Челябинской области, которую историки ранее дружно относили к «уграм», вместо гаплогруппы N найдены ископаемые гаплогруппы R1a-M417 и R1b (в Каповой пещере).

Далее, они опровергают «положение», что насельниками Балтийского побережья с древнейших времен были «финно-угры», что популяристы немедленно превратили в «положение» о гаплогруппе N в тех краях, и об «ассимиляции» их пришедшими славянами, или в более общем виде – пришедшими носителями гаплогруппы R1a. Оказалось – не так, а что носители R1a жили там с древнейших времен, во всяком случае с 5-6 тысяч лет назад. В соседней Карелии найдена гаплогруппа R1a-M459-YP1272 с датировкой 7265±250 лет назад, тот же субклад, что и в культуре ямочно-гребенчатой керамики в Эстонии. В Германии (в Эулау) в культуре шнуровой керамики еще в 2008 году была выявлена гаплогруппа R1a, с археологической датировкой 4600 лет назад. Всё это образует поле обитания носителей гаплогруппы R1a от южной Германии к северу и востоку, по Прибалтике, что и заложило равное количество гаплогруппы R1a с гаплогруппой N1a1 у современных литовцев, латышей, эстонцев, и далее мы видим переход к югу с включением фатьяновской археологической культуры (4300-3500 лет назад), древних русов, и южнее, вплоть до Черного моря, с обитающими там носителями гаплогруппы R1a-Z93 и определенно других субкладов.

Этого, конечно, в рассматриваемой статье нет.

Чтобы не сложилось впечатление, что я предвзято отнесся к разбираемой здесь статье, процитирую целиком «Заключение» к статье. Пусть каждый делает выводы о его стиле и значимости, но помнит, на чем эта цитируемая «значимость» основана, и еще раз посмотрит на цветную диаграмму выше.

* * *

«Наши результаты поддерживают гипотезу, что индивидуалы, ассоциируемые с охотниками-собирающими культуры гребенчатой керамики в Эстонии генетически наиболее подобны восточным охотникам-собирающим из Карелии, к востоку от Эстонии [*Примечание – генетические характеристики образца из Карелии в статье вообще не упоминаются, и никаких сравнений с ними не проводилось – ААК*]. Недавно

опубликованные сравнения геномов мезолитической Латвии и охотников-собирателей культуры гребенчатой керамики поддерживают этот результат, в то время как мезолитические охотники-собиратели из Латвии и Литвы, видимо, генетически наиболее подобны западным охотникам-собирателям. Это свидетельствует о степени генетического вливания с востока при прибытии носителей культуры гребенчатой керамики. Далее, присутствие генетического компонента, ассоциированного с кавказскими охотниками-собирателями и позже с людьми, представляющими ямную культуру в индивидуалах восточных охотниках-собирателей и эстонских индивидуалах культуры гребенчатой керамики означает, что экспансия культуры шнуровой керамики не может рассматриваться как единственный способ распространения этого генетического компонента, по меньшей мере в Восточной Европе. Переход к интенсивному фермерству и животноводству в Эстонии, который произошел несколькими тысячелетиями позже перехода к фермерству во многих других частях Европы, проводился индивидуалами культуры шнуровой керамики и включал прибытие нового генетического материала. Эти люди привнесли очевидную степную предковость вместе с некоторым минорным анатолийским вкладом, наиболее вероятно абсорбированным через женские линии в ходе популяционных передвижений. Наши результаты подтверждают недавно сообщенное утверждение, что фермерство не прибыло в Балтийский регион как следствие ступенчатой миграции людей из Анатолии. Однако наши генетические данные, ассоциированные с археологическими сообщениями, демонстрируют, что переход к фермерству в Балтийском регионе не был также результатом только культурной трансмиссии, но вместо того был результатом миграции фермеров из Степи. Более того, поскольку генетическая вариация современных эстонцев не может быть полностью объяснена этими событиями, нужны дальнейшие исследования для выявления последующих демографических событий, которые принесли гаплогруппу N на берега Балтийского моря и изменили аутосомную вариацию людей, живущих в этом регионе.

* * *

Кто что понял? Можно было, конечно, подредактировать, но потерялся бы изыск авторского «Заключения». Может, кто что понял про фермеров из Степи? Или вообще, что авторы хотели выяснить, и чего достигли?

И вот теперь сравните мой пересказ выше по гаплогруппам-субкладам Y-хромосомы, описанным в статье, и их значимости, в том числе и в более широком представлении, и совершенно мутное «заключение» авторов статьи. Вот так ДНК-генеалогия отличается от популяционной генетики вообще и «широкогеномной» популяционной генетики в частности.

Ископаемые гаплогруппы R1b в нарвской археологической культуре (7000-5000 лет назад) , на территории современной Латвии

В феврале 2017 года в журнале Current Biology вышла статья под характерным названием – «*Неолитический переход на Балтике не был вызван примесностью (admixture) с ранними европейскими фермерами*» (Jones и др.). Характерное потому, что полностью противоречит выводам статьи, разобранный в предыдущем разделе. Это совершенно типично для «геномных» статей, которые трактуют полученные данные совершенно произвольно, «по вкусу» и «по понятиям» авторов, и скорее всего одного автора, который статью писал. Причины описаны выше, не будем их повторять. Данная статья строилась и обсуждалась по тем же принципам, что описаны выше. Отсюда и типичные «положения», цитирую: «*анализ, проведенный с помощью (программы) ADMIXTURE предполагает близкое взаимоотношение между этими группами (WHG и EHG, то есть западно-европейские охотники-собиратели и восточно-европейские охотники-собиратели). Мы нашли, что хотя мезолитические образцы из Латвии имеют более близкую аффиность к WHG, чем к EHG, они не относятся полностью ни к одной из этих групп*». Информативно, не так ли? И вот так вся статья. Для сравнения, два из упомянутых мезолитических образцов, для которых были определены Y-хромосомные гаплогруппы, оказались R1b-P297, и это сразу выстраивает картину миграций. Об этом – ниже. Но «геномные популяционисты» гаплогруппы и субклады не анализируют, не говоря о гаплотипах. Потому и их многочисленные проблемы, недоговорки, заблуждения. Например, неолитический образец из Латвии (Y-гаплогруппа не указана, археологическая датировка 6000±200 лет назад) после проведения анализа с той же программой ADMIXTURE «показал», что «*имеет несколько компонентов, которые были найдены среди американских индейцев, сибиряков и охотников-собирателей с Кавказа*». Информативно, не так ли? Непонятно, зачем все это, когда больше к этой «информации» авторы в статье не возвращаются. Что вижу, то и пою? ©

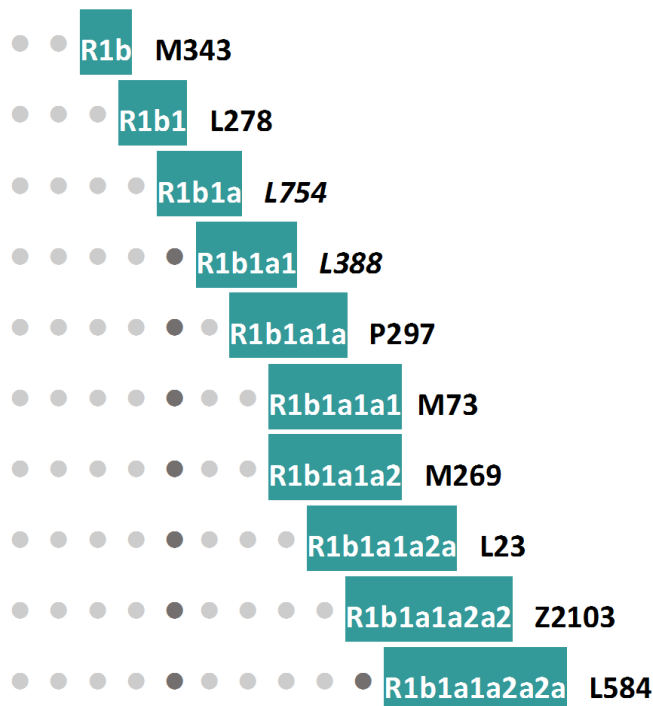
В статье опять повторяется, что гаплогруппа R1b «*распространилась из России, с востока, в Европу после 5000 лет назад*». Датировка правильная, но неправильное направление. Если бы она распространилась в Европу с востока, то как она бы попала на Пиренейский полуостров, откуда и двинулась в Европу как культура колоколовидных кубков? На самом деле этот вопрос давно проработан ДНК-генеалогией, и показано, что эрбины, носители гаплогруппы R1b, никак не могли двинуться в Европу напрямую с востока, они прошли туда, на Пиренеи, круглым путем. Эта ошибка геномных популяционистов уже стала традиционной, повторяя «выводы» двух статей 2015 года, Naak и др., и Allentoft и др. А поскольку методология в статье, как и у других геномных популяционистов, вся в прорехах, а местами и вовсе неверная, то ее нечего и обсуждать, это мы

делали во многих других статьях. Перейдем к сути находок, а именно к гаплогруппам и субкладам. Гаплотипов в статье, конечно, нет.

ДНК восьми образцов были протестированы на мтДНК, и только два из них протестировали на Y-хромосомные гаплогруппы, оба из нарвской культуры, археологическая датировка 7690 ± 100 и 7030 ± 225 лет назад. Оба образца имели гаплогруппу R1b, и, как сообщили авторы статьи, обе имели «как наиболее вероятный» субклад R1b1b, далее добавив, что эта гаплогруппа наиболее распространенная среди современных западных европейцев. Как следствие, здесь же было сообщена «интерпретация», что «*присутствие этой гаплогруппы в мезолитической Латвии указывает на ее западное происхождение*». Здесь – целый ряд принципиальных ошибок. Во-первых, популяционные генетики никак не поймут, что уже давно, лет десять, нельзя ограничиваться строчными наименованиями субкладов (как R1b1b), надо непременно указывать индекс снипа, иначе возникают множественные недоразумения и делаются неверные выводы. В данном случае – какого года номенклатуру использовали? В последней, 2017 года номенклатуре ISOGG указанный субклад числится как R1b1b-PH155, до этого шесть лет (с 2011 до 2016) это был R1b1b-M335, и в 2010 году это был R1b1b-P297. В статье никаких разъяснений нет. Тем временем энтузиасты-специалисты, известные в сети, провели свой генетический анализ по геномным базам данных, и установили, что этот образец относится к субкладу «pre-M73», то есть явно прибыл с востока, видимо, из южной Сибири, а другой образец, с датировкой 6060 ± 140 лет назад, относится к субкладу R1b1a1a-P297 (см. диаграмму снипов ниже), то есть авторы статьи, возможно, просто использовали давно устаревшую номенклатуру (2010 года) с усеченным строчным наименованием субклада.

Но на этом недоразумения не останавливаются. Субклад P297 является одним из старейших в системе субкладов гаплогруппы R1b, он образовался 16800 ± 2600 лет назад (<https://www.yfull.com/tree/R1b/>), предположительно в южной Сибири (там же, на Байкале, нашли его родительскую гаплогруппу R с археологической датировкой 24 тысячи лет назад), и он никак не мог прибыть более семи тысяч лет назад с запада, из Европы, чтобы оказаться в нарвской культуре в Латвии. Известно только, что его дочерний субклад, R1b-P297 > M478 > Y14051, который образовался примерно 7200 лет назад, обнаружен у современного жителя Украины, и на нем этот субклад заканчивается, нижеследующих субкладов (и снипов) пока обнаружить не удалось. Вот так небрежность в отнесении субкладов, то есть использование устаревшей номенклатуры, ведет к принципиально ошибочным интерпретациям экспериментальных данных. Основные миграции носителей гаплогруппы R1b прибыли в Европу только около 5000 лет назад, и у них были уже намного более поздние субклады, которые в диаграмму ниже не внесены, они были бы далеко внизу. Конечно,

возможны редкие приходы в Европу и более древних носителей гаплогруппы R1b, которые позже полностью вымерли вместе с потомками, но раз мы о них не знаем, то на них основывать ничего нельзя.



В любом случае, находка авторов статьи является очень важной (если не смотреть на неверные интерпретации авторов статьи), она впервые продвигает ареал миграций и обитания эрбинов от средней Волги (что показали изучения ископаемых ДНК ямной и хвалынской культур) до Балтики, причем для времен 7000-7700 лет назад, начала нарвской культуры. Эти времена пересекаются с таковыми для хвалынской культуры, в которой найдена та же гаплогруппа R1b, но более древнего субклада L278 (= M415), приведенного на диаграмме выше в самом начале, он образовался 20400±3000 лет назад. Иначе говоря, это родительская (по отношению к нарвским R1b) Y-хромосомная линия. Так что, похоже, что эрбины в период 7-8 тысяч лет назад передвигались по Русской равнине от Кавказа до Балтики, в те же времена там же (во всяком случае в Прибалтике) обитали и носители гаплогруппы R1a (культура ямочно-гребенчатой керамики, территория современной Эстонии и, возможно, всей юго-восточной части Прибалтики, включая Карелию, см. предыдущий раздел). Ямная культура, которая датируется историками/археологами как 5600/5200-4300 лет назад, представляет собой только «хвост» миграций эрбинов на Русской равнине, что давно показывали данные и публикации ДНК-генеалогии. В последующие времена эрбины или сами ушли на юг, на Кавказ и далее в Месопотамию, или их вытеснили арии, но итог мы знаем – на Русской

равнине сейчас проживают примерно 50% носителей гаплогруппы R1a (до 67% в южной части Центральной России), и только 5% носителей гаплогруппы R1b. Возможно, потому историки пишут, что нарвская культура исчезла под натиском племён ямочно-ребенчатой керамики, и мы, уже зная, что первые – это носители R1b, вторые – носители R1a, понимаем, что это было началом крупных исторических процессов на Русской равнине.

В рассматриваемой статье этих интерпретаций и выводов, конечно, нет. Можно упомянуть, что в рассматриваемой статье определены также мтДНК для восьми образцов ископаемой ДНК –

- два из них упомянутой нарвской культуры с Y-хромосомной гаплогруппой R1b (U5a2d и U2e1), 7690±100 и 7030±225 лет назад,
- один – для более древней культуры кунда (U5a1c), Латвия, 8300±100 лет назад,
- три – для неолитических культур Латвии (U4a1, U4, U5a1), соответственно 6100±100, 6000±200, и 4800±200 лет назад, последняя – культура шнуровой керамики, и
- два – для мезолитического и неолитического образцов ДНК днепровской Украины (U5b2 и U4), 10900±300 и 6380±90 лет, соответственно.

Для последних двух образцов энтузиасты из сети определили по геномным базам данных Y-хромосомные гаплогруппы-субклады, которые оказались соответственно I2a2a-M223 и R1a-M459. Первый – древний субклад, образовался примерно 17500 лет назад, был одним из наиболее распространенных в Европе до примерно 4500 лет назад, его носители были, видимо, в основном уничтожены при расселении по Европе эрбинов, культуры колоколовидных кубков, и общие предки современных M223 жили в основном на Британских островах, с датировкой примерно 5000 лет назад, то есть намного более недавних, чем был обнаружен на Украине. Но данные важны в том отношении, что показывают, что гаплогруппа I2 продвигалась со стороны центральной и западной Европы (например, Испания и Франция), а также Скандинавии, до территории современной приднепровской Украины. В таком случае не будет удивительным, если ископаемая гаплогруппа I2 будет найдена в культурах трипольской и сопряженных с ней. Второй оказалась гаплогруппа R1a-M459 (с датировкой 6380±90 лет назад), то есть уже неоднократно найденной доарийской R1a (если арийские отсчитывать со времени образования субклада R1a-Z645, примерно 5500 лет назад), которая обнаружена в хвалынской мезолитической культуре (R1a-M459), прибалтийском мезолите (R1a-M459-YP1272), в мезолите Карелии (R1a-M459-YP1272). Иначе говоря, складывается система, в которой доарийская R1a (образовалась ранее 6000 лет назад) была довольно широко представлена на Русской равнине, но в итоге не прошла

бутылочное горлышко популяции – общий предок современных Y-хромосом на Русской равнине жил примерно 4900 лет назад, и относился, видимо, к субкладу R1a-Z280, на шесть ступеней ниже, чем M459 (R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z283 > Z282 > Z280).

Обращает внимание, что все восемь образцов имеют мтДНК гаплогруппу U, наиболее распространенную для мезолитической Европы. Большого, пожалуй, из этих гаплогрупп-субкладов не извлечь, как и из того, что для серии ископаемых ДНК в предыдущем разделе –

- образец ДНК нарвской культуры имел мтДНК U5a2d (6300±60 лет назад),
- четыре образца из культуры ямочно-ребенчатой керамики имели U5b1d1 (дважды), U4a и U2e1, с датировками 5600±200, 5600±200 и 4850±1000 лет назад, соответственно, и
- семь образцов культуры шнуровой керамики имели мтДНК T2a1a, T2a1 и U5b1b (4400±400 лет назад), U5b2c (4700±200 лет назад), J1c3 (4500±120 лет назад), H5a и H5a1 (4460±100 лет назад).

К сказанному выше о мтДНК можно добавить, что, действительно, мезолитическая Европа в основном имела гаплогруппу U, что подтверждается добавлением образцов культуры ямочно-ребенчатой керамики, но то, что U – это уже было давно известно из ранних публикаций по ископаемым ДНК. Как известно и то, что с переходом к культуре шнуровой керамики в европейских мтДНК появляется гаплогруппа H, а также T и J. В настоящее время около половины всех европейских мтДНК, как западной, так и восточной Европы (включая Финляндию), представляет собой гаплогруппу H с многочисленными субкладами.

Можно еще добавить, что скелет из культуры шнуровой керамики в Латвии, с мтДНК U5a1 (датировка 4800±200 лет назад), для которого Y-хромосомную гаплогруппу не определяли, находился в скорченном положении, что характерно для гаплогруппы R1a этой культуры. То, что характерно для R1a, в статье, конечно, не указано. Вместо этого авторы сообщили, что ADMIXTURE анализ показал, что этот образец имеет на диаграмме *«голубой компонент, который доминирует во всех других образцах из Латвии»* (то есть и тех, что с гаплогруппой R1b), *«но имеет также и зеленый компонент, который достигает максимума в образцах охотников-сборителей с Кавказа»*, и далее, что *«предковость, относящаяся к охотникам-сборителям с Кавказа, была ранее постулирована (вот так! – ААК), что она прибыла в Европу со скотоводами из Понтийских степей»*. И дальше авторы продолжают, *«на голубом глазу»*, что в данном образце шнуровой керамики с датировкой 4800±200 лет назад *«присутствует степной компонент»*. Попросту говоря, характерная для таких статей абракадабра. То, что написано, вообще ни к чему не применимо, ни к

R1a, ни к R1b, ни для любой другой гаплогруппы. Но понятно, откуда это взялось. Это все эхо статей «широкогеномных популяризаторов» 2015 года (Haak и др., Allentoft и др.), которые направили население ямной культуры (R1b) в Европу для создания культуры шнуговой керамики (R1a), что есть абсурд, как уже прокомментировано в предыдущем разделе. И вот теперь авторы очередной работы это всё переписывают.

Как читатель давно сообразил, столь подробные описания абракадабры, порождаемой (или, как написали сами авторы, постулируемой) «широкогеномными» авторами, призваны показать, насколько проще и надежнее выводы ДНК-генеалогии на основе тех же экспериментальных данных. Конечно, «широкогеномные» материалы имеют несравненно более широкий захват, в них анализируются (правда, обычно очень формально) сотни тысяч и миллионы снипов по всем хромосомам, мужчин и женщин, но этот «захват» обычно губит всю работу. Губит потому, что анализ формальный, с массой допущений и приближений, интерпретации совершенно произвольные, альтернативные варианты практически не рассматриваются, и понятно, почему – их в рамках методологии авторов бесконечное множество. А главным образом потому, что не хватает стержня, который позволял бы выбирать из бесконечного множества вариантов интерпретаций только те, которые резко сужают варианты выбора. Это и дают данные и выводы ДНК-генеалогии. Если бы сочетать геномный анализ с подходами ДНК-генеалогии, выводы статей были бы несравненно более определенными и надежными. Но «широкогеномные» от этого уклоняются, и причин для того немало. Какие основные причины – многократно описывалось на Переформате. Это – и отсутствие школы научного мышления, и беспокойство за свою «делянку», и желание продолжать бесконтрольность, тупо гнать материал, и пугало, которое делают из ДНК-генеалогии, а почему делают – см. предыдущее перечисление причин. Немалая роль в создании этого «пугала» принадлежит Балановским, матери и дитя, которые по сути совершенно далеки от науки. Результат – налицо. Большого ущерба своей области науки, который нанесли Балановские, трудно представить. Надеюсь, наука в этом разберется, и скорее рано, чем поздно.

Ископаемые гаплогруппы I2a (нарвская культура) и R1a (культура шнуговой керамики) в Прибалтике

В начале марта 2017 года вышел препринт в издании bioRxiv под названием «Генетическая история северной Европы» (Mittnik и еще 21 автор), с авторами из всех прибалтийских стран, а также Германии, России, Финляндии, Швеции, Австралии и США, где наиболее известными авторами являлись David Reich из США и Wolfgang Haak из Австралии; впрочем, Haak не является генетиком, так что коллективом руководил, видимо, Reich. Это значит, по опыту, что статью можно без

больших потерь не читать, а нужно просто посмотреть на гаплогруппы-субклады, которые в статье приведены; гаплотипов там, разумеется, не было. А не читать – потому что опять будет вязкая и запутанная тягомотина. Так и оказалось. Опять про «охотников-собирателей» и «фермеров», «мезолитических» и «неолитических» людей, причем каждый из них в свою очередь подразделялся на «скандинавов», «прибалтов», «западных», «восточных», «степных», «анатолийских», с туманными и противоречивыми «выводами», кто от кого произошел, основываясь на произвольно построенных диаграммах. При чтении хотелось подхватить хоть какую последовательно изложенную мысль, но не тут-то было, мысль рассыпалась при очередном вбросе «рассуждений», которые опять противоречили друг другу. А жаль, потому что в работе рассматривали 24 ископаемых ДНК с археологическими датировками от 9500 до 1200 лет назад, и для 12 из них определили Y-хромосомные гаплогруппы и субклады (гаплотипы, к сожалению, не определяли), но анализ их фактически не проводили, просто дали в приложении списком. Список следующий, для наглядности упрощенный (не даются, например, географические координаты захоронений, и т.д.) и перестроенный, карта захоронений приведена ниже:

Нарвская культура, Литва (Spiginas), I2a-L460 > P37 > CTS595 > S21825 > L1286 > L1287 > L233, датировка 5470±40 лет назад.

Нарвская культура, Литва (Kretuonas), I2a-L460 > P37 > M423, датировка 6200±1200 лет назад.

Комментарий – хотя захоронения расположены практически рядом (см. карту), линии I2a представляют разные ветви. Это означает, что либо это разные племена, либо одно очень древнее племя, поскольку ветви разошлись примерно 19 тысяч лет назад. В предыдущем разделе в нарвской культуре (в Латвии) нашли гаплогруппу R1b, с более древними датировками, чем I2a в нарвской культуре в Литве, 7690±100 и 7030±225 лет назад.

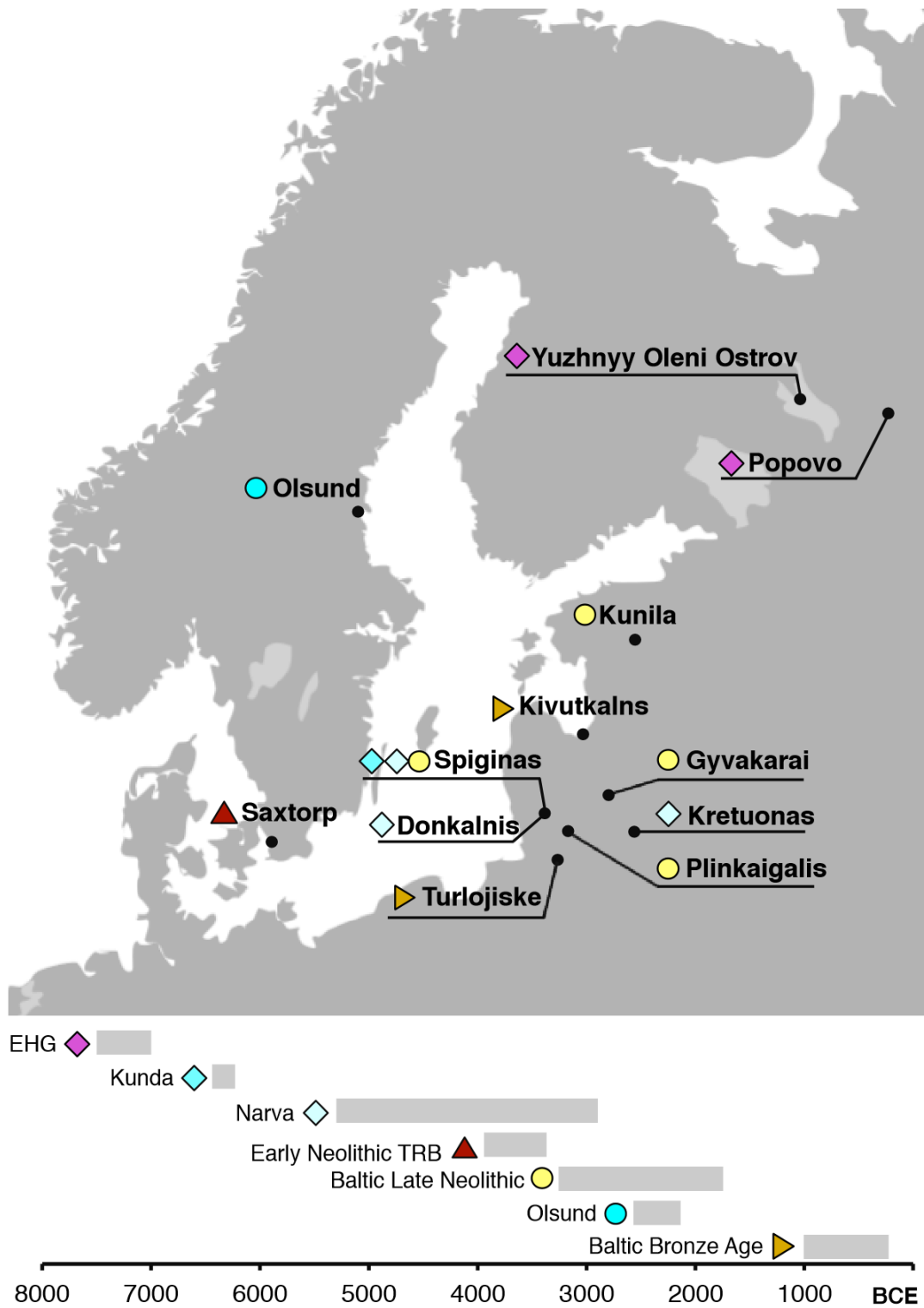
Культура шнуровой керамики, Эстония (Kunila), R1a-M198, датировка 3960±40 лет назад, Литва (Gyvakarai и Spiginas), и Швеция (Olsund), все три R1a-M198 > M417 > Z645, датировка 4030±30, 3580±60 и 3890±80 лет назад.

Комментарий – это типичные времена и гаплогруппа для захоронений культуры шнуровой керамики (5200-4300 лет назад). В Германии (Эулау) нашли ископаемые R1a с датировкой 4600 лет назад.

Поздний бронзовый век, Литва (Turlojiske), R1a-M198 > M417 > Z645, датировка 2736±60 лет назад; Латвия (Kivutkalns), пять образцов, из них один образец R1a-M198, два образца R1a-M198 > M417, и два образца R1a-

M198 > M417 > Z645, датировка у всех – середина I тыс до н.э., от 2545±30 до 2298±28 лет назад.

Комментарий – в ряде публикаций я показывал, что носители гаплогруппы N1a1 не приходили на берега южной и юго-восточной Балтики, то есть на территории нынешних Литвы, Латвии, Эстонии, ранее середины I тыс до н.э. Приведенные выше данные это подтверждают – ни один из 12 ископаемых ДНК в указанном регионе не показал гаплогруппу N.



Если Y-хромосомные гаплогруппы в приведенных выше примерах согласуются с системой данных и представлений ДНК-генеалогии, то мтДНК показывают полную рассогласованность – в данных ископаемых ДНК имеются гаплогруппы U (U4c, U5a, U5b), I (I4a), J (J1b, J1c), K (K1b), T (T1a), H (H4a, H10a, H11a, H28a). Видно, что все 12 образцов имеют

разные мтДНК, и у совпадающих Y-хромосомных гаплогрупп и субкладов мтДНК у всех разные. Именно потому мтДНК обычно малоинформативны для ДНК-генеалогических исследований, за исключением редких случаев. Для образцов мезолитической ископаемой ДНК с Южного Оленьего острова (Карелия) и Попово (Карелия), датировка первого 7500-7000 лет назад, для второго датировка в статье не приведена, определены только мтДНК – R1b и U4d, соответственно. Первый скелет был женским, второй – мужским.

Возвращаясь к критическим замечаниям по статье, надо опять подчеркнуть, что никакого анализа гаплогрупп-субкладов в статье не было. Авторы продолжают придерживаться сложившейся «концепции» геномных популяционных – воздерживаться от рассмотрения гаплогрупп, субкладов, гаплотипов Y-хромосомы, видимо, потому, что тогда фактически становится ненужным «широкогеномное» рассмотрение. А смысл своей работы «широкогеномные» видят именно в вязком «анализе» геномных данных. Складывается впечатление, что это именно то, что нужно в данном направлении современной популяционной генетики. Смысл в том, что при таком «анализе» можно получать любые выводы, и главное, подгонять их под устоявшиеся положения историков и археологов. При таком «раскладе» все довольны – историки-археологи тем, что им сообщают, что их выводы полностью подтверждаются (а проверить они не могут, да и зачем?), популяционисты тем, что они тем самым «подтверждают», «верифицируют» свою методологию, выводы, а как же – смотрите, все сходится с данными истории и археологии. Значит, наши подходы и выводы правильны.

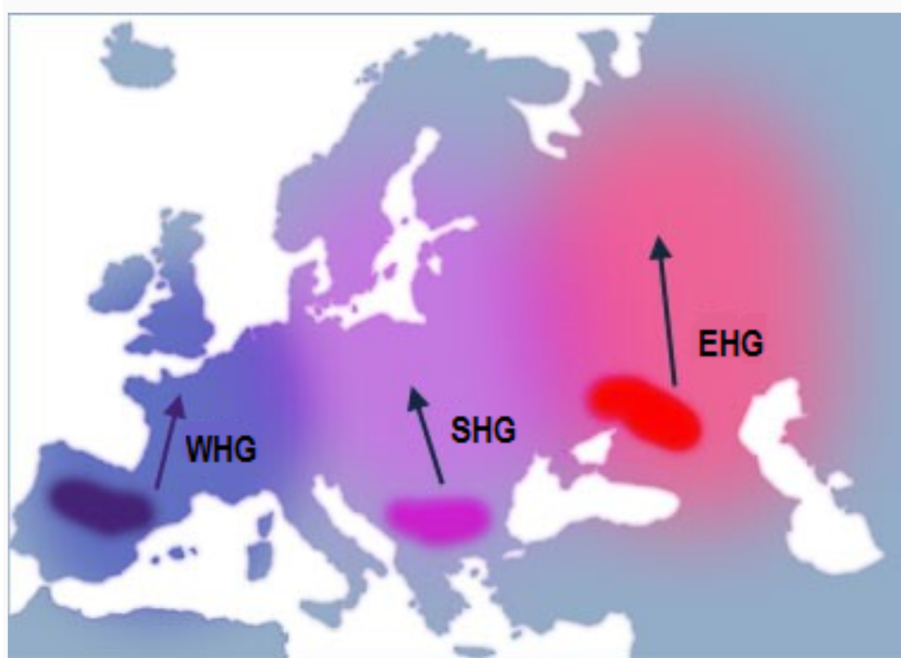
В «широкогеномных» статьях это приобретает вид гротеска. Нарушается основной принцип науки – надо опираться только на свои данные, а не на то, что навешано данными другой области науки. Иначе получается подгонка, из ряда вариантов интерпретаций выбирается только то, что подходит под известные данные историков-археологов. В данной статье эта подгонка просто бросается в глаза, причем подгонка систематическая. Историки пишут, что культура А образовалась из культуры В, так они интерпретировали данные при рассмотрении материальных признаков, часто нечетких, но так решили. А «широкогеномные» тут как тут – и у нас так же получается, смотрите, вот пятно зеленое, и здесь пятно зеленое, там, правда, оно широкое с и желтым, а тут узкое и с синим, но вот зеленое же! Все подтверждается, как и принято в исторических науках!

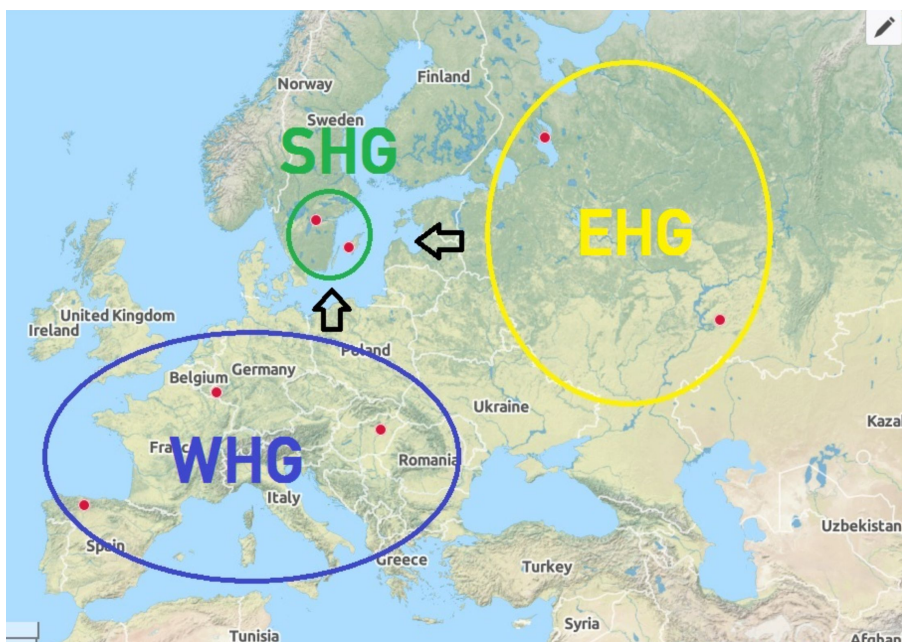
Думаете, преувеличиваю, иронизирую? Иронизирую – да, с такими «интерпретациями» не иронизировать никак нельзя, но несколько не преувеличиваю. Потому и постоянное использование терминологии, которую применяют историки, но до недавнего времени генетики не использовали. Так, «широкогеномные» перешли к словарному набору -

«foragers», то есть добыватели продуктов питания (себе и животным), «hunter-gatherers» (охотники-собиратели), «farmers» (фермеры), который к генетике никакого отношения не имеет, но так удобнее подгонять к концепциям историков. Уже и менять ничего не надо – вот тот древний геном показывает «добывателей сена для скота», а тот – «охотников-собирателей», хотя ничего этого геном не показывает, и показывать никак не может. Это – для необременительной подгонки. Нельзя писать – «изучали останки мезолитических собирателей еды на территории современной России», это откровенная профанация. Изучали костные остатки в захоронениях с такой-то археологической датировкой, остальное – не дело генетиков.

По всей статье идут обороты типа (цитата) – *«Поздние мезолитические собиратели еды в центральной Швеции, которых мы называем «скандинавскими охотниками-собирателями, SHG», моделировались нами как примесь (admixed) между западными и восточными охотниками-собирателями, WHG и EHG»*. Смотрим на диаграмму внизу (анализ «методом принципиальных компонент») – да, можно и так, хотя смысл этого ускользает – а что это всё означает, если переводить в конкретные генетические или исторические-археологические показатели? Голубой ромбик внизу – это женский образец из культуры кунда, с датировкой 8300±100 лет назад. Он попал в «западные охотники-собиратели», которые трактуются по-разному, например, два варианта показаны ниже. По любому из них «западные охотники-собиратели» – это вся западная и центральная Европа, от Пиренеев до севера Франции. Там весь набор Y-хромосомных гаплогрупп «Старой Европы», в том числе E1b, G2a, I2a, и так далее. Верхний набор ромбиков – это «восточные охотники-собиратели», куда входит и Южный Олений остров, и Попово, и вообще вся восточная Европа от Черного и Каспийского до Белого моря, тоже набор гаплогрупп, в том числе R1a, R1b, Q1a, I2a и так далее. При желании можно «обосновать» и «доказать» что угодно. Например, что *«8000 лет назад наблюдался переход от собирателей еды к сельскохозяйственному стилю жизни с распространением фермеров из Анатолии к Дунаю и Средиземноморскому побережью и далее к южной и центральной Европе, где они параллельно существовали и смешивались с местными собирателями еды на протяжении последующих двух тысячелетий. Примерно 6000 лет назад продвижение достигло южной Скандинавии, вместе с культурой воронковидных кубков, и постепенно внедрило культивацию зерновых и животноводство»*. Думаете, это всё генетика показала? Ископаемые ДНК? Нет, это подгонка к давней концепции историков, но так якобы показали исследования ДНК. И они, «широкогеномные» так это же и «показали». Например, что *«индивидуалы культуры ямочной керамики сохраняют генетическую подпись мезолитических охотников-собирателей, в то время как предковость фермеров культуры воронковидных кубков в основном прослеживается к фермерам центральной Европы, хотя и с заметной примесью от европейских охотников-собирателей»*. Поскольку по словарю «широкогеномных» поггенетиков охотники-собиратели – это

те, кто жили (в данном случае в Европе) более 7 тысяч лет назад, а фермеры – это те, кто жили менее 7 тысяч лет назад, то с «предковостью» любой европейской археологической культуры промахнуться невозможно – это всегда будет либо одно, либо другое, либо с «заметной примесью» другого.





Сюда же идет то, что «изучение древних геномов показало, что культура шнуровой керамики (R1a – ААК) генетически близка к ямной культуре (R1b – ААК) пасторалистов из черноморско-каспийских степей, принеся в первую генетический компонент, который ранее в Европе не был представлен». Это авторы данной статьи повторяют «выводы» статей Наак и др. и Allentoft и др. (2015), которые, как уже упоминалось выше, представляют «фантастическую безграмотность» с точки зрения специалиста-археолога. Посмотрим более внимательно на первую диаграмму в настоящей статье, которая уже обсуждалась выше. Да, «генетически близка», там все, правда, «генетически близки», носители хоть R1a, хоть R1b, и ямная культура, и хвалынская, и европейская культура шнуровой керамики, и шнуровая керамика Германии, и колоколовидные кубки, и культура колоколовидных кубков, и срубники, и синташтинцы, и «европейские охотники-собиратели, и «ранние европейские фермеры», и «анатолийско-levantийские ранние фермеры», и вообще практически все. Так может дело не в «принесе компонентов, которые ранее не были представлены»? Может, методология не в ту понтийскую степь, извините за каламбур? Может, диаграммы для носителей R1a и R1b одинаковы, потому что компьютер в данном случае, подчиняясь выставленным приближениям и ограничениям, вышел в расчетах на общую для них родительскую гаплогруппу R1? Или R? Или другую вышестоящую гаплогруппу? Или что-то еще, о чем расчетчики и авторы не подумали? А авторы статьи продолжают – «Интригует, что современные восточные балты имеют (в своих ДНК) основную часть предковости WHG всех европейцев». А почему бы им не иметь? У эстонцев, латышей и литовцев по 32-40% R1a, 34-42% N1a1, 6-15% I1, 5-12% R1b, 3-6% I1, остальные минорные по численности гаплогруппы. Гаплогруппу N1a1 геномный анализ в данном случае практически не детектирует, поскольку ее в WHG и не было, а все остальное усредняет и уравнивает. Ну и что на

этом основании можно сказать? Разве что в очередной раз подогнать. В том числе и что «два карельских образца показывают самый большой генетический дрейф со времени дивергенции из Африки вместе с ЕHG, как показывает f3-статистика аутгруппы». Замечательно, вот уже и Африку пристегнули. Хотите про культуру кунда узнать, откуда она образовалась? Пожалуйста, нет проблем, вот генетическая картина «индивидуала из мезолитической кунды» – «показывает очень тесную аффиинность с WHG, с небольшим, но значительным вкладом от ЕHG в WHG». Мне особенно нравится «небольшой, но значительный вклад». Ну и что из этого следует? Откуда культура образовалась, где ее корни, направление миграции? Да, знаете ли, вообще-то с мезолитического запада, но со значительным вкладом с востока. Мило, не так ли?

Как видите, продолжать особого смысла не имеет, поскольку вот так – вся статья. Кроме, конечно, списка гаплогрупп и субкладов, которые, впрочем, в историческом или другом контексте не рассматривали.

Большой набор ископаемых гаплогрупп (СТ, С, С1, С1а, F, G, G2, G2a, H, H1, H2, IJK(xJ), I, I2a, I2c, J2a, R, R1, R1b, T1a) в Венгрии (8000-4900 лет назад), Германии (7500-5000 лет назад) и Испании (7500-4200 лет назад), в частности, в культурах Кёрёш, Старчево, Винча, Баден, линейно-ленточной керамики.

Эта фантастическая по количеству приведенных гаплогрупп-субкладов Y-хромосомы (и мтДНК) статья опубликована в начале марта 2017 года, в виде препринта в издании bioRxiv под названием «Параллельное изучение древних геномов выявило сложную историю популяций среди ранних европейских фермеров» (Lipson и др., всего 56 авторов под руководством трех человек - David Reich, и двух основных авторов статьи). В статье было два основных автора – Mark Lipson (Гарвардская медицинская школа, Бостон) и Anna Szécsényi-Nagy (Институт археологии Венгерской Академии наук, Будапешт), что было обозначено специальными знаками, остальные, в основном из Венгрии, Германии и США, поставляли или выделяли ископаемый материал. Судя по многочисленным авторам из Гарварда (медицинская школа – это факультет Гарвардского университета) и сообщению в статье, секвенирование и генетический анализ ископаемых ДНК проводились там.

Выше, в предыдущем разделе, я заметил что если коллективом руководит Reich, то, судя по опыту, статью можно не читать, а просто посмотреть на гаплогруппы-субклады, которые в статье приведены; гаплотипов и здесь, разумеется, нет. «А не читать – потому что опять будет вязкая и запутанная тягомотина», цитирую сказанное выше. Так и оказалось опять в данном случае, хотя присутствие профессионального археолога в качестве одного из двух основных авторов вселяло надежду, что она могла развернуть материал в более информативную сторону.

Еще одну надежду вселяло то, что Reich заявлен в статье как один из трех начальников, но не как основной автор, так что статью, видимо, не писал. Но надежды не оправдались – статья подана как типично «широкогеномно-попгенетическая», археолог, как совершенно ясно, статью не писала, и ограничилась двумя страницами среди десятков страниц в Приложении, под заголовком «*Археологическое резюме неолитического и халколитического периодов в современной Венгрии*». Это ясно, она же из Венгрии. ДНК-генеалогией она, тоже ясно, не владеет, поскольку на этих двух страницах гаплогруппы-субклады ни разу не упоминаются, хотя в приложении их более полутораста. Но поскольку она не владеет и генетикой, то в этом «Археологическом резюме» ни разу не упоминаются ни WHG, EHG, SGH, ни прочий инструментарий попгенетиков. Она дает достаточно гладкое и необычно четкое для «широкогеномных» описание археологической картины Европы начиная с времен линейно-ленточной керамики (7600-7300 лет назад) на Среднедунайской низменности, и последующего расхождения этой культуры на региональные группы, среди которых была северо-балканская культура Винча, раннюю форму которой автор «Резюме» относит к юго-западной Венгрии периода раннего неолита 7350-7100 лет назад.

В своем описании автор «Резюме» проходит через культуры начала медного века (6500-6000 лет назад) и далее среднего медного века (6300 – 5800/5300 лет назад) и позднего медного века (5600-4850 лет назад), в котором, по ее представлениям, изобрели колесо и колесные повозки, и одомашнили лошадь, конечно, в Венгрии, но не без влияния Месопотамии и Анатолии, колыбели цивилизации. На кратком рассмотрении баденского культурного комплекса (5600-5100 лет назад), вышедшего из позднего медного века, «Резюме заканчивается». Характерно, что там ни словом не упомянуты представления М. Гимбутас, подхваченные «широкогеномными» попгенетиками (2015), о вторжении «носителей индоевропейских языков» из ямной культуры в сердце Европы. Что мне показалось странным, а, может, характерным, что в этом археологическом резюме автор не поставил ни одного вопроса, описав картину простой и гладкой, как свисток. Но «Резюме» свою задачу выполнило, оно дало четкую путеводную карту «широкогеномным» попгенетикам, и они, действительно, ни на шаг от нее не отклонились. Как задача поставлена, так и геном «показал». Это тоже характерно. И волки сыты, и овцы целы, все совершенно бесконфликтно, что и требовалось доказать. И действительно, зачем конфликты, зачем открытия и новые трактовки, пусть всё будет как было у историков-археологов, а то еще поинтересуются, а как это открытие сделано, на чем основана новая трактовка, и будет конфуз, придется выкручиваться, что мы, мол, здесь вовсе не при чем, это компьютер, ату его, так проинтерпретировал. Удобная наука, толерантная.

Переходим к данным, имеющим отношение к ДНК-генеалогии. В основной (с моей точки зрения) таблице в статье приведены 80 гаплогрупп-субкладов Y-хромосомы, из них 61 были сообщены впервые, на другие даны литературные ссылки. Всего в таблице приведены 159 гаплогрупп-субкладов мтДНК, из которых половина относилась к женским ДНК. Опережая изложение, замечу, что в статье не анализировались в историческом или другом контексте ни те, ни другие. Мы попытаемся восполнить этот досадный пробел, который, впрочем, не удивителен, так как из трех ведущих авторов двое – «широкогеномные» генетики, а у них своя методология – опять «f3-статистика», «метод принципиальных компонент», «admixture», то есть «примесность», и прочие вязкие, тягучие и неопределенные «инструменты». Подробнее об этом см. в предыдущих разделах.

Надо заметить, что авторы статьи, наверное, обидятся, что я настолько неуважительно отнесся к их популяционно-генетическому труду. Но если обидятся, то зря, так как я очень даже уважительно отношусь к их большой работе по типированию гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы. Что же касается всего остального в статье – то на мой взгляд оно практически неинформативно, хотя объективно их картинки и диаграммы что-то должны означать. Что-то должен означать синий цвет на диаграмме, пример которой приведен в первом разделе данной статьи (см. выше), что-то должен означать зеленый цвет, что-то красный, желтый и сиреневый, только что – никто не знает. Это – формальная расцветка компьютером, но поскольку для гаплогрупп, например, R1a и R1b, цвета одинаковы, но ясно, что при обсуждении «происхождения» R1a и R1b здесь одинаковы. Популяционно-генетик скажет, разумеется, что, мол, причем здесь снп-мутации Y-хромосомы, она вообще маленькая и никому не нужна. Цвета означают другое, например, вклад женщин, но это тоже будет неправдой, никакой корреляции там «с женщинами» никто не получал и не видел. Значит, это что-то еще, о чем никто пока не знает. А может, просто так компьютер решил, со всеми вводимыми еще допущениями и ограничениями. Может, это вклад других нереккомбинантных частей других хромосом, может, вклад генов, может, еще чего-то. Но самое главное – что четкой картины это «что-то», как правило, не дает. Иногда это с гаплогруппами Y-хромосомы хорошо коррелирует, иногда совсем не коррелирует, но раз так, то это вообще ненадежный, или, скорее, безнаденный параметр. Потому и приходится авторам рисовать десятки, а то и сотни страниц картинок и пояснений к ним, и опять обосновать можно что угодно, особенно если это историкам уже известно. А если неизвестно – то тогда другое дело, там начинается невнятица и неопределенности. Списывать-то удобнее, не так ли?

Итак, гаплогруппы и субклады Y-хромосомы. Чтобы поместить эти данные в картину того, что уже было довольно давно известно, и оттенить (a) данные, подтверждающие известную картину, и (b) данные,

продвигающие наши знания, рассмотрим их в некотором порядке. Действительно, давать почти сотню гаплогрупп-субкладов подряд, да еще перемешанными с мтДНК, как это дано в обсуждаемой статье, не способствует пониманию.

Почти все приводимые ниже данные относятся к «Старой Европе», то есть до почти полной гибели мужского европейского населения, начиная примерно с 4500 лет назад, то есть с середины III тыс до н.э. Эти времена совпадают с заселением западной и центральной Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, в основном относящимися к археологической культуре колоколовидных кубков (начиная примерно с 4800 лет назад). Обсуждаются и другие причины гибели «Старой Европы», например, резкие климатические изменения, или эпидемии, охватившие Европу в те времена. Ни то, ни другое не доказано, и данных таких нет, более того, мтДНК в те времена не исчезли, а даже пошли в рост. Это фактически опровергает и климатические изменения, и эпидемии, которые почему-то применимы специфически только к мужчинам. Поэтому будем придерживаться концепции геноцида мужчин «Старой Европы» в период с 4500 лет назад и в течение последующих 500-1000 лет как минимум.

1. **Древнейшие времена**, по данным археологических датировок ископаемых ДНК (7800-7600 лет назад), **предшествующие временам линейно-ленточной керамики**. Венгрия, Среднедунайская низменность. **Археологическая культура старчево** (по культуре кёреш в таблице приведены только данные по женским костным остаткам, мтДНК K1a). Y-хромосомные гаплогруппы H2 (дважды, одна опубликована ранее) и G2a (дважды):

H2-P96.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a > G2a2a1-**PF3170.**

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2b > G2a2b2b1 > G2a2b2b1a-**F1932.**

Положения этих субкладов группы G2a см. на диаграмме ниже.

Мои комментарии –

(a) Субклад H2-P96 образовался примерно 47 тысяч лет назад, так что он в культуре старчево явно недотиширован. В целом, находка гаплогруппы H в древней Европе весьма необычна, потому что по современным представлениям эта гаплогруппа образовалась в Индостане или на Ближнем Востоке. Относительно H2 происхождение неизвестно.

(b) две указанные гаплогруппы линии G2a разошлись очень давно, после образования субклада G2a2, то есть 18200±1600 лет назад

(<https://www.yfull.com/tree/G/>). Обе они найдены в захоронении в культуре старчево. Это может означать, что либо обе линии прибыли в Европу очень давно, либо что данное племя, которое вошло в культуру старчево или её образовало, очень древнее. Теоретически это может означать, что субклад G2a2 образовался в Европе около 18 тысяч лет назад, но это маловероятно, по другим данным (А.А. Клёсов) он прибыл в Европу из Передней Азии.

(с) мтДНК шести образцов культур кёреш и старчево (в первой два женских образца, во второй четыре мужских) показывают в целом разнообразие – оба женских K1a, мужские T1a2, N1a1a1, K1a4 и W5. На мой взгляд, информативность этого в настоящее время низка.

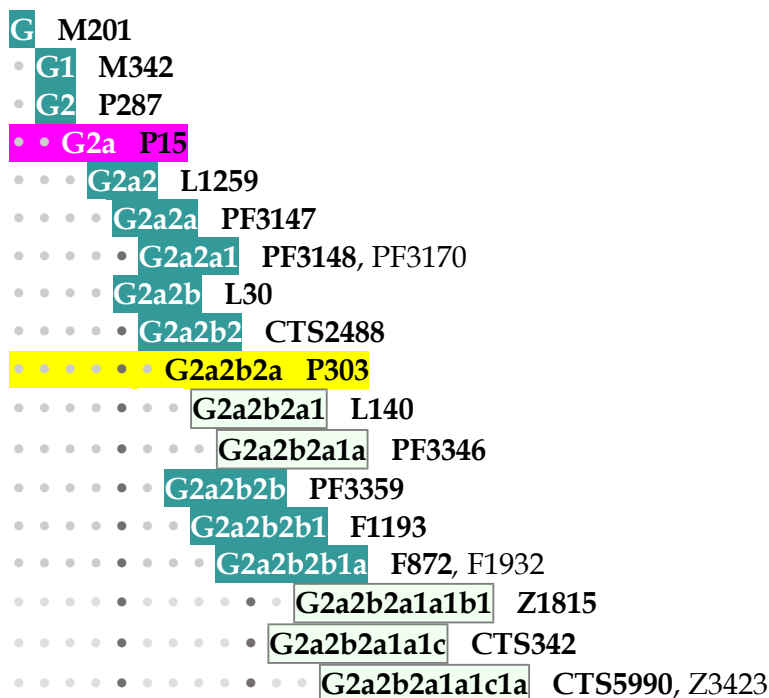
2. **Культура ЛВКТ, или трансдунайской линейно-ленточной керамики** (на дунайской низменности). Найдено семь образцов ископаемой ДНК (четыре костяка женские), **археологическая датировка 7300-6900 лет назад**. Три Y-хромосомных – все G2a:

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a > G2a2a1-**PF3148**.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a-**P303**.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2b > G2a2b2b1-**F1193**.

Положения этих субкладов показаны на следующей диаграмме (в сокращенном виде из ISOGG-2017):



Сделаем ряд комментариев, которых в рассматриваемой статье не найдем. На диаграмме приведены субклады гаплогруппы G2a, которые

фактически найдены в центральной Европе с археологическими датировками 7800-6900 лет назад. Мы неоднократно описывали в статьях (последняя – статья «Народы Кавказа с точки зрения ДНК-генеалогии», в сборнике «Истоки кавказской цивилизации, Ростов-на-Дону, 2016, стр. 322-429) наиболее распространенные ветви гаплогруппы G2a на Кавказе, и показывали, что ряд этих ветвей происходит из Европы, которые миграциями пришли на Кавказ (видимо, через Малую Азию) 4-5 тысяч лет назад. Видимо, это было бегство из Европы во времена уничтожения носителей гаплогрупп «Старой Европы» в ходе расселения эрбинов. Действительно, датировки жизни общих предков ряда кавказских линий G2a приходятся на это время.

На современном Кавказе есть две основные линии G2a, одна представлена субкладом G2a1 и его нижестоящими субкладами, это в наибольшей степени выражено у осетин (иронцы 72% от всех гаплогрупп, дигорцы 55%), карачаевцев (25%), абхазов (27%), грузин (23%), примеры датировок линий - 3850±460 лет назад (карачаево-балкарцы), 3250±370 лет назад (осетины, древняя линия), и общий предок этой линии на северо-западном и центральном Кавказе жил 4875±500 лет назад. Но мы видим, что эта линия отошла от «ствола», представленного выше, на уровне субклада G2a-P15, отмеченного сиреневым цветом. Этот субклад образовался 20600±1900 лет назад, то есть намного раньше всех обнаруженных ископаемых G2a, и этой линии среди европейских ископаемых ДНК пока не найдено. Возможно, что он пришел на Кавказ не из Европы, а из Передней Азии, как уже обсуждалось в наших работах.

Вторая линия G2a на Кавказе представлена субкладом G2a2, и главным образом его нижестоящим R303, отмеченным на диаграмме выше желтым цветом, и его нижестоящими субкладами. Эта линия в наибольшей степени выражена у шапсугов (86%), черкесов (38%), абхазов (24%), грузин (13%), примеры датировок линий - 3025±375 лет назад (грузины), 5345±700 лет назад (общий предок субклада G2a2b1-L140 на Кавказе). Эти времена уже вполне могут соответствовать общим предкам субкладов в Европе, возможно, и прошедшим бутылочное горлышко популяции в ходе миграции и перехода на Кавказ.

Что касается мтДНК в культуре трансдунайской линейно-ленточной керамики, то они опять малоинформативны. Может быть, в будущем они образуют систему, которая позволит помещать их в исторический (археологический) контекст и решать важные исторические загадки, но пока этого нет. В данном случае четыре женских костяка имели мтДНК H, U2, T2b и N1a1a1a3, а три мужских - K1b1a, T1a, T2c1. Кто-то найдет это полезным, например, обратит внимание на то, что во времена 7300-6900 лет назад в Европе уже появилась мтДНК H, и появилась на территории современной Венгрии, но я бы не отнес это к решению

исторической загадки. Это будет скорее типичным популяционно-генетическим описанием, то есть типа «так, записали. Что видим, то и поём». По причине малой информативности, мы в дальнейшем не будем останавливаться на мтДНК, за теми редкими исключениями, когда они действительно продвигают наши знания.

3. **Культура линейно-ленточной керамики** в восточной части территории современной Венгрии, 22 образца ископаемых ДНК, из них 11 мужские костяки, с идентифицированными гаплогруппами-субкладами. **Датировки - 7500-6900 лет назад**, то есть практически те же, что и линейно-ленточной керамики в предыдущем разделе, только территории немного различаются. Видимо, потому различается и набор обнаруженных гаплогрупп - среди 11 образцов только одна гаплогруппа G2a

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a-**P303**,

из линии, которая затем проявится на Кавказе. Помимо нее, в двух образцах обнаружена гаплогруппа CT-M168, в одном - C1a2 (опубликовано ранее), в двух образцах гаплогруппа I (x I1), то есть она не относится к I1, и пять гаплогрупп серии I2:

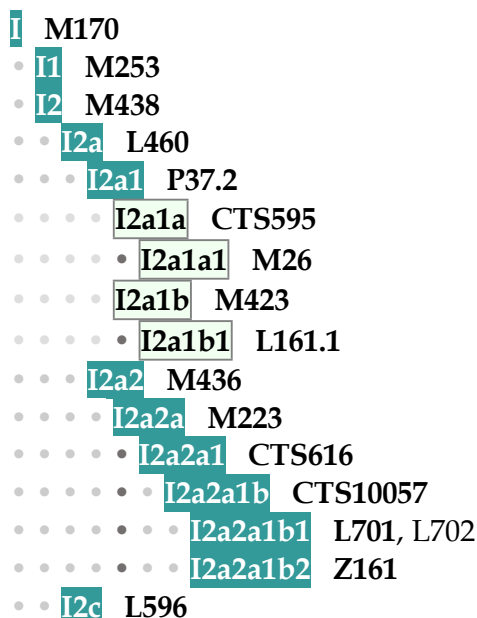
I2-M438

I2-M438 > I2a > I2a2 > I2a2a-**M223** (два образца)

I2-M438 > I2a > I2a2 > I2a2a > I2a2a1 > I2a2a1b-**CTS10057**

I2-M438 > I2a > I2a2 > I2a2a > I2a2a1 > I2a2a1b > I2a2a1b1-**L701**

Положения этих субкладов показаны на следующей диаграмме (в сокращенном виде из ISOGG-2017):



Сделаем ряд комментариев. На диаграмме приведены субклады гаплогруппы I2a, которые фактически найдены в центральной Европе с археологическими датировками 7500-6900 лет назад. Ничего принципиально нового здесь давно нет, еще несколько лет назад гаплогруппы I2a в захоронениях с теми же датировками были найдены в Скандинавии, в Испании, во Франции и в других частях Европы. Но в данном случае мы видим две важные Y-хромосомные линии, I2a1 и I2a2, которые расходятся от субклада I2a-L460. В культуре линейно-ленточной керамики в Венгрии мы видим вторую линию, которая на диаграмме ступенчато, путем образования новых снипов, проходит до субклада со снипом L701, который был найден в той же культуре, и в настоящее время нижестоящие субклады найдены в основном на Британских островах. Но есть другая линия, которая на данной диаграмме не показана, она идет от снипа R37.2 отдельной ветвью, и ее многочисленные нижестоящие субклады почти все наблюдаются в Восточной Европе, почти исключительно у славян, от Адриатики до Балтийского моря. Общий предок первых (в настоящее время британских M223 с последующими субкладами) выявляется около 5000 лет назад, общий предок вторых – примерно 2300 лет назад. В обоих случаях Y-хромосомные ДНК-линии прошли бутылочное горлышко популяции, предположительно 5000-4500 лет назад, опять во времена расселения эрбинов по Европе, как культуры колоколовидных кубков.

Похоже, что субклады гаплогруппы I2a, найденные в культуре линейно-ленточной керамики, за редким исключением не выжили во времена гибели «Старой Европы». «Широкогеномные» исследования этого, конечно, не показывают. Не та методология. Вывод о малой информативности мтДНК и здесь подтверждается, на все 22 образца в данной культуре было 18 различных мтДНК, никакой системы увидеть не удалось. Что в общем понятно, поскольку мтДНК определяют матери, которые, видимо, приходили (прибывали, приводили) в селение к мужу, или как он там тогда назывался, из разных краев. При таком варианте практически никакой системы и быть не может.

4. Северобалканская культура винча, ранний каменный век, датировки 7400-7100 лет назад. Четыре образца ископаемых ДНК, два мужских и два женских, мужские имели гаплогруппы H2 и G2a

H2-P96 (такой же, как и в культуре старчево)

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a > G2a2b2a1 > G2a2b2a1a-PF3346

Субклад PF3346 приведен на диаграмме субкладов гаплогруппы G2a выше.



Ареал культуры винча эпохи неолита (Старая Европа, VI – V тыс. до н. э.). Из Википедии.

Мы видим, что гаплогруппа H2-P96 найдена уже в трех захоронениях – дважды в культуре старчево (с датировкой 7800-7500 лет назад), и в культуре винча (с датировкой 7400-7000 лет назад). Это показывает, что данная гаплогруппа была распространена в «Старой Европе», и погибла вместе с ней. В настоящее время гаплогруппы H в Европе практически нет, и в известном списке Eupedia она отсутствует среди европейских гаплогрупп

(http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml).

- 5. Культура Тиссы на юго-востоке Венгрии, датировки 7000-6500 лет назад.** Пять образцов ископаемых ДНК, три мужских и два женских, мужские имели гаплогруппы G2a-P15 (отмеченную сиреневым цветом на диаграмме субкладов гаплогруппы G2a), I (x I1), как в культуре линейно-ленточной керамики, см. выше, и I2a1-P37.2 (см. выше диаграмму субкладов гаплогруппы I2a).

Обратим внимание на то, что субклад I2a1-P37.2 был описан выше как тот, от которого пошла славянская линия гаплогруппы I2a после почти полного уничтожения носителей гаплогруппы в Старой Европе, и прохождения бутылочного горлышка популяции примерно 2300 лет назад, в конце прошлой эры. В настоящее время это одна из основных по

численности гаплогруппа в некоторых странах бывшей Югославии – 71% среди боснийских хорват, 54% среди боснийцев, 37% среди хорват, 34% среди сербов, 30% в Черногории, 21% в Словении. В России, Украине, Белоруссии число носителей гаплогруппы I2a варьируется между 10 и 20%, в зависимости от региона, в Польше падает до 6%.

6. **Трансдунайский поздний неолит (культуры лендзел и сопот), датировки 7200-6500 лет назад.** 14 образцов ископаемых ДНК, 12 мужских и два женских, мужские имели гаплогруппы С (х С2), G-M201 (см. диаграмму выше), два G2a, F (х I), два H-L901, H1a2a-Z14050, два I - один был опубликован ранее, другой I (х I1, I2a2), также I2 (х I2a2), J2a-M410, E1b-L618. Как видно, в этой культуре наблюдается большое разнообразие Y-хромосомных гаплогрупп. Субклады G2a в тех случаях, в которых были определены, следующие:

G2a-P15

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a > G2a2a1-PF3148 (датировка образца 6800-6500 лет назад).

Последний субклад был также найден в культуре трансдунайской линейно-ленточной керамики (датировка образца 7200-7000 лет назад).

Комментарии –

(a) в статье использовали устаревший индекс H1b1-Z14050, но этого субклада в номенклатуре ISOGG 2017 года нет, есть H1a2a-Z14050.

(b) В опубликованном наборе ископаемых ДНК здесь впервые встречается гаплогруппа J2a. Обычно принимается, что эта гаплогруппа происходит из Месопотамии и далее распространилась в юго-восточную Европу. Древняя находка J2a в трансдунайском позднем неолите (образец датирован 6800-6500 лет назад) хотя это напрямую не подтверждает, но и не противоречит. В настоящее время гаплогруппа J2a особенно распространена в Анатолии (24%), на островах Средиземного моря (23-37%), в Греции и в центральной Италии (по 23%), в Албании (20%). В России этой гаплогруппы 3%, на Украине – 4.5%, в Белоруссии и Польше по 2.5%.

(c) Особый интерес представляет субклад E1b-L618, место которого в диаграмме субкладов гаплогруппы E отмечено желтым цветом. Последним стоит его дочерний субклад E1b-V13, который почти полностью погиб при разрушении Старой Европы, и возродился, то есть прошел бутылочное горлышко популяции 3450±350 лет назад (Клёсов, публикации 2010-2017 гг.).

- E M96
 - E1 P147
 - • E1b P177
 - • • E1b1 P2
 - • • • E1b1b M215
 - • • • • E1b1b1 M35.1
 - • • • • • E1b1b1a L539
 - • • • • • • E1b1b1a1 M78
 - • • • • • • • E1b1b1a1a CTS10890
 - • • • • • • • • E1b1b1a1b1 L618
 - • • • • • • • • • E1b1b1a1b1a V13

7. **Халколитические культуры Венгрии, датировки 6500-5900 лет назад.** 10 образцов ископаемых ДНК, 6 мужских и 4 женских, мужские имели гаплогруппы - два СТ-M168 (как в культуре линейно-ленточной керамики), два G2a, два I2a. Субклады G2a и I2a в тех случаях, в которых были определены, следующие (их положение показано на соответствующих диаграммах выше):

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b-L30.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a > G2a2b2a1 > G2a2b2a1a > G2a2b2a1a1 > G2a2b2a1a1c > G2a2b2a1a1c1 > G2a2b2a1a1c1a-CTS5990

I2a-L460

I2-M438 > I2a > I2a2 > I2a2a > I2a2a1 > I2a2a1b-CTS10057,

датировка образца 6500-6000 лет назад. Этот субклад был также найден в культуре линейно-ленточной керамики (датировка образца 7200-6900 лет назад).

Как мы обсуждали выше, все эти линии (G2a и I2a) почти полностью терминировались при гибели Старой Европы между 5000 и 4500 лет назад.

8. **Средне-халколитический переходный период смешанных стилей керамики, под названием «протоболераз», датировки ископаемых ДНК 5900-5600 лет назад.** Четыре образца, три мужских и один женский, мужские имели гаплогруппы - одна G2a и две I2c (с идентичными субкладами), их положение показано на диаграммах выше:

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a-P303 (отмечен желтой полосой на диаграмме субкладов гаплогруппы G2a)

I2-M438 > I2c-L596.

Как видим, среди ископаемых ДНК в центральной Европе появляется I2c. Это в настоящее время довольно редкая гаплогруппа, она отсутствует в списке основных европейских гаплогрупп (http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml), и в проектах FTDNA, в которых числятся 6000 носителей гаплогруппы I1, 2000 носителей гаплогруппы I2a, но есть только 300 носителей гаплогруппы I2c.

Как обычно, у всех четырех ископаемых ДНК в данной серии все четыре мтДНК разные - H, J1c, N1a1a1a3, U5a1c1.

9. **Баденская культура** на территории современной Венгрии (в целом она расположена на территориях Чехии, Словакии, Венгрии и Австрии, см. карту), датировки ископаемых ДНК 5600-4850 лет назад. Тринадцать образцов, девять мужских и четыре женских, мужские имели гаплогруппы - пять G2a, I-M170 и три I2a (все они показаны на соответствующих диаграммах субкладов выше).



G2a-P15 > G2a2 > G2a2a-PF3147.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a-P303 (отмечен желтой полосой на диаграмме субкладов гаплогруппы G2a)

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a > G2a2b2a1 > G2a2b2a1a-PF3346

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a > G2a2b2a1 > G2a2b2a1a > G2a2b2a1a1 > G2a2b2a1a1b > G2a2b2a1a1b1-**Z1815**
G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2a > G2a2b2a1 > G2a2b2a1a > G2a2b2a1a1 > G2a2b2a1a1c > G2a2b2a1a1c1 > G2a2b2a1a1c1a-**CTS5990**

I-M170.

I-M170 > I2-M438.

I2-M438 > I2a > I2a1-P37.2

I2-M438 > I2a > I2a1-P37.2 > I2a1a > I2a1a1-M26

10. Культура линейно-ленточной керамики на территории современной Германии, 29 образца ископаемых ДНК, из них 10 - мужские костяки, с идентифицированными гаплогруппами-субкладами, из которых пять опубликованы, и пять описаны впервые в рассматриваемой работе. **Датировки - 7500-7100 лет назад**, то есть практически те же, что и линейно-ленточной керамики в Венгрии. Но набор обнаруженных гаплогрупп резко различается - если среди 11 образцов в той же культуре в Венгрии была только одна гаплогруппа G2a (субклад P303), то она обнаружена в 8 из 10 образцов в Германии, и среди них не было субклада P303. Вместо линии G2a2b-L30 (как в Венгрии) там была почти исключительно линия G2a2a. Иначе говоря, на фрагменте диаграммы субкладов гаплогруппы G это субклады PF3147 и PF3148, размещенные между сиреневой и желтой полосой.

• • G2a P15
• • • G2a2 L1259
• • • • G2a2a PF3147
• • • • • G2a2a1 PF3148
• • • • • G2a2b L30
• • • • • G2a2b2 CTS2488
• • • • • G2a2b2a P303

Это говорит о том, что в культуре линейно-ленточной керамики в Венгрии и в Германии в одни и те же времена жили разные племена, которые разошлись от субклада G2a2-L1259, образовавшегося 18200±1600 лет назад. Похоже, что они прибыли в Европу отдельными миграциями, и принадлежность их к одной культуре можно объяснить «культурной диффузией». Конечно, это пока основывается на небольшом наборе ископаемых ДНК.

Три другие Y-хромосомные гаплогруппы, помимо G2a, были G2-P287 (см. диаграмму субкладов гаплогруппы G), CT и T1a, две последние были опубликованы ранее, и потому не анализировались в рассматриваемой статье. Семь гаплогрупп G2a имели следующие субклады:

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a-PF3147 (три образца)

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a > G2a2a1-PF3148 (четыре образца)

11. **Средний неолит**, территория современной Германии, **археологические датировки 6600-5000 лет назад**. Семь образцов ископаемых ДНК, из них четыре мужских и три женских, Y-хромосомные образцы гаплогрупп I, R, G2a-PF3148, и IJK (x J), из них три первых уже были опубликованы. Образец с гаплогруппой R датирован 5590±64 лет назад, что заметно раньше прибытия в Европу (на Пиренейский полуостров) основной миграции носителей гаплогруппы R1b. К сожалению, гаплотипов в статье нет, поэтому выяснить ДНК-генеалогическое происхождение этого образца пока не представляется возможным. Он имел мтДНК HV, что, впрочем, тоже мало о чем говорит, и такие же мтДНК найдены в захоронениях культуры линейно-ленточной керамики в восточной Венгрии со значительно более древней датировкой (7500-7300 лет назад) и в баденской культуре в Венгрии с заметно более поздней датировкой (датировка 5300-4850 лет назад).

12. **«Лиственная пещера» в западной части Германии, датировка 6000-5000 лет назад**. Четыре образца ископаемой ДНК, из них три мужских. Гаплогруппы I2a1-P37.2 (см. диаграмму выше), R1-M173 и R1b1-L278.

Гаплогруппа I1a1-P37.2 нам уже знакома, эта линия после ее почти полного уничтожения в ходе расселения эрбинов, носителей гаплогруппы R1b по Европе, привела к настоящему времени к появлению десятков миллионов славян Восточной Европы, от Адриатики до Балтики. Две другие гаплогруппы, линии R1, обнаруженные в ископаемых ДНК «лиственной пещеры» (Blätterhöhle Cave), представляют древнейшие гаплогруппы, которые образовались 22000-20000 лет назад. В мезолите Европы их найдено не было, они определенно пришли с дальними миграциями в Европу, причем не вместе с основной группой мигрантов на Пиренейский полуостров, а, видимо, из нарвской культуры Прибалтики, что описано в первых разделах этой статьи. Более того, субклад в нарвской культуре и в «лиственной пещере» одинаковый, R1b-L278 (образовалась 20400±3000 лет назад, <https://www.yfull.com/tree/R1b/>).

- R M207
 - R1 M173
 - • R1b M343
 - • • R1b1 L278
 - • • • R1b1a L754
 - • • • • R1b1a1 L388
 - • • • • R1b1a2 V88

В «лиственной пещере», которая была открыта в 2004 году, нашли скелетные остатки более 400 человек. Генетический анализ показал, что часть из них питалась в основном рыбой, другая часть – зерновыми продуктами. К удивлению исследователей, оказалось, что эти части популяции генетически не смешивались. Правда, генетики заключили, что эти популяции сосуществовали в пещере только 400-600 лет (видимо, основываясь на численности захоронений в пещере), но они не привели датировок, когда это было. Ископаемые ДНК в рассматриваемой статье имеют датировку 6000-5000 лет назад, так что если генетики правы в своих оценках продолжительности заселения пещеры, то не исключено, что население пещеры было изгнано или уничтожено как раз во время гибели «Старой Европы», в III тыс до н.э.

13. Последняя группа гаплогрупп-субкладов в статье – это **иберийские** (то есть пиренейские) ископаемые ДНК **раннего и среднего неолита** (то есть каменного века), и **халколитического периода** (медного века). Рассмотрим их по частям.

Ранний неолит. Датировки ископаемых гаплотипов **7500-7300 лет назад**. Семь образцов ископаемой ДНК, из них два мужских - гаплогруппы I2a-L161.1 и R1-V88. Оба Y-хромосомных образца были ранее опубликованы, поэтому в рассматриваемой статье их субклады не анализировали, ограничились ссылками без приведения снипов. Они нами показаны, основываясь на буквенных индексах субкладов, принимая их за индексы 2017 года, как это было по всей рассматриваемой статье. Если это индексы, скажем, 2016 года, то соответствующие субклады и снипы будут теми же. Расположение обоих субкладов на диаграммах соответствующих субкладов гаплогрупп R и I приведено выше.

Средний неолит. Датировки ископаемых гаплотипов **5900-5600 лет назад**. Четыре образца ископаемой ДНК, из них два мужских - гаплогруппы H2 и I2a-Z161. Оба Y-хромосомных образца были ранее опубликованы, поэтому в рассматриваемой статье их субклады не анализировали, ограничились ссылками без приведения снипов. Снип для I2a нами реконструирован по виду субклада, приведенного авторами статьи.

Халколит, датировки ископаемых гаплотипов **5600-4350 лет назад**. 26 образцов ископаемой ДНК, из них 13 мужских - гаплогруппы I (три образца), I2a (восемь образцов), G2a (2 образца). Половина Y-хромосомных образцов были ранее опубликованы, поэтому в рассматриваемой статье их субклады не анализировали, ограничились ссылками без приведения снипов. Субклады G2a и I2a в тех случаях, в которых были определены, следующие (их положение показано на соответствующих диаграммах выше):

G2a-P15 > G2a2 > G2a2a-**PF3147**.

G2a-P15 > G2a2 > G2a2b > G2a2b2 > G2a2b2b-**PF3359**.

I2-M438 > I2a > I2a2-**M436** (два образца).

I2-M438 > I2a > I2a2 > I2a2a-**M223** (пять образцов).

I2-M438 > I2a > I2a1-P37.2 > I2a1a > I2a1a1-**M26**

Подводя итоги, повторим вслед за авторами обсуждаемой статьи, что в период неолита-халколита (8000-4850 лет назад) на территории современной Венгрии наиболее распространенной гаплогруппой Y-хромосом (найденной среди ископаемых ДНК) была гаплогруппа G (в основном G2a с нисходящими субкладами, линии G2a2a и G2a2b), на которую приходится примерно 40% от всех находок. Эти две линии (со снипами PF3147 и L30, соответственно) расходятся очень далеко в указанный период, и могут относиться или к разным племенам, которые вместе мигрировали в Европу, или к одному, но очень древнему племени. То, что эти далеко расходящиеся ветви принадлежали к одним и тем же археологическим культурам (порой в их динамике), можно считать указанием, что между ними происходил вполне интенсивный культурный обмен, или что они перенимали технологии друг у друга тем или иным способом.

Второй наиболее распространенной гаплогруппой, найденной в ископаемых ДНК, была гаплогруппа I (в основном I2a с нисходящими субкладами, линии I2a1 и I2a2), на которую приходится примерно 32% от ископаемых гаплогрупп всех находок. Эти две линии (со снипами P37.2 и M436, соответственно) тоже расходятся далеко друг от друга, и относятся к тем же археологическим культурам, что и гаплогруппы G2a. Это означает, что культурный (и вещевой) обмен происходил «поперек» родовых, наследственных образований. Видимо, оседлый образ жизни располагал к культурным диффузиям, в отличие, как представляется, от кочевого образа жизни. В те же времена, или несколько позже, в центральную Европу приходят носители гаплогруппы R (захоронение с датировкой 5654-5527 лет назад), R1 (датировка 5337-5034 лет назад) и R1b (5958-5344 лет назад), а на Пиренеях обнаружена ископаемая гаплогруппа R1b-V88 (7294-7066 лет назад). Это все исключительно древние субклады, как и древние датировки захоронений, и их носители

не сопровождали носителей гаплогруппы R1b-M269-L151 (и их нижестоящих субкладов U106 и P312, образовавших культуру колоколовидных кубков с последующим заселением Европы). Похоже, что древние гаплогруппы R1b могли быть принесены в Европу из нарвской культуры Балтики (обнаруженные там захоронения с гаплогруппой R1b датируются 7690 ± 100 и 7030 ± 225 лет назад), то есть ранее центрально-европейских. В нарвскую же культуру эрбины скорее всего прибыли из приволжских степей (хвалынская культура и предшествующие ей среднеазиатские миграции, из Сибири через южный Урал и северный Казахстан).

Маршруты прибытия в Европу носителей гаплогруппы G2a пока твердо не установлены, но есть данные, позволяющие полагать, что они прибыли туда вскоре после ухода ледника, со стороны Передней Азии, где датировки общих предков этой гаплогруппы уходят во времена 14 тысяч лет назад. Возможно, прибытие этой гаплогруппы через Анатолию на Балканы и воспринимается генетиками как прибытие «анатолийских и левантийских фермеров». Гаплогруппа I (и ее дочерние I1 и I2a) образовались 43000 ± 3000 и 27500 ± 2800 лет назад, соответственно, и могут знаменовать собой кроманьонские времена в Европе. По каким-то, пока неизвестным причинам, гаплогруппа I1 встречается в захоронениях древней Европы значительно реже, чем I2 (I2a), но в итоге все перечисленные гаплогруппы Старой Европы, кроме R1b, почти полностью погибли в III тыс до н.э.

Фактом является то, что ни в одном случае из 82 ископаемых ДНК в Венгрии, Германии и Испании (с датировками от 7800 до 4350 лет назад) ни разу не встретилась гаплогруппа R1a, хотя она намного раньше встречается в Прибалтике (культура ямочно-гребенчатой керамики, другие мезолитические культуры), и была найдена в Германии (Эулау) с археологической датировкой 4600 лет назад. Либо не там искали, либо пути ее миграции в Европу нам еще недостаточно известны. Ясно, что примерно 5500 лет назад (гаплогруппа R1a-Z645) она в Европе была, там же началось расхождение ее пра-индоевропейского языка на ветви, и там же примерно 5200 лет назад возникла культура шнуровой керамики, без сомнения, культура носителей R1a, и скорее всего $R1a-Z645 > Z283 > Z283 > Z280$.

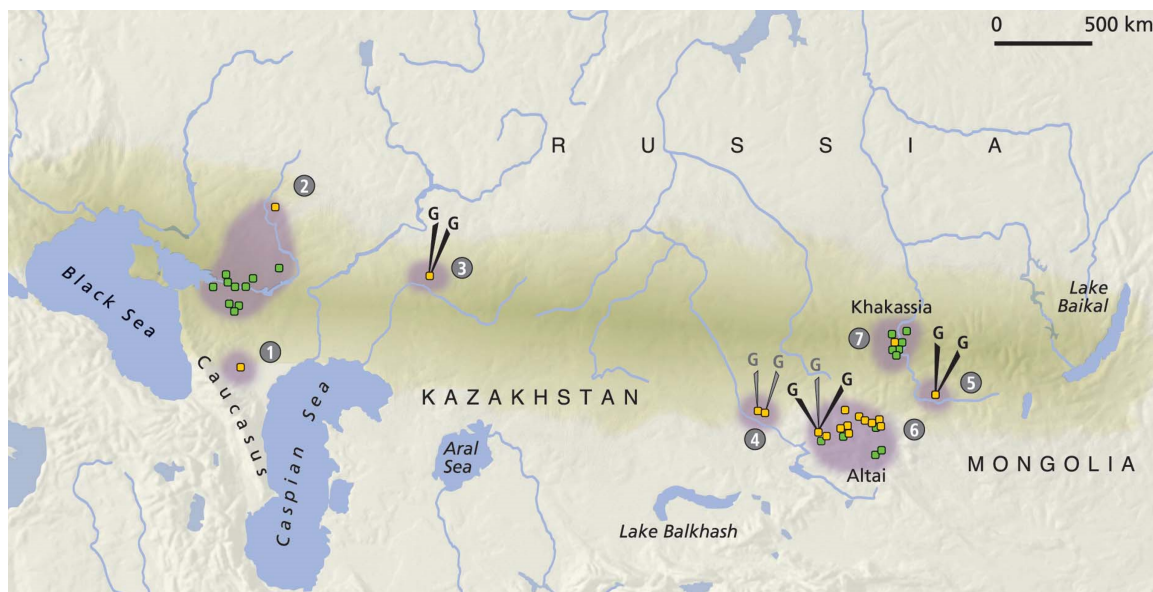
Так что мы наблюдаем явное противоречие, или несогласованность в экспериментальных данных, и нас, вполне возможно, ожидает лавина данных по наличию гаплогруппы R1a в древней Европе. Возможно, на Балканах и/или в трипольской культуре.

Ископаемые гаплогруппы R1a, R1b и Q1a у скифов

История обнаружения гаплогрупп Y-хромосомы у степняков следующая. В 2015 (Mathieson и др., Nature) было сообщено о первой находке ископаемой скифской ДНК, с гаплогруппой R1a-Z93-Z2123 (датировка 2305±90 лет назад), то есть конец прошлой эры, классические скифские времена. Находка была сделана в волжских степях Самарской области. Следующие два образца были извлечены из двух хазарских захоронений на нижнем Дону (VIII-IX вв н.э.), что технически позднее скифских времен, но может дать свидетельство о гаплогруппах их возможных потомков, тоже степняков. Обе гаплогруппы оказались R1a-Z93 (Klyosov, Faleeva, Adv. Anthropol., 2017).

В марте 2017 года опубликована статья (Unterländer и др., всего 25 авторов, среди которых опять David Reich из отдела генетики Гарвардской медицинской школы), в которой было сообщено об идентификации четырех гаплогрупп скифов, двух R1a (Z93 и Z645), одной R1b-Z2123 и одной Q1a-F903. R1a-Z93 был из пазырыкской культуры Алтая, R1a-Z645 из тувинской Алды-Бель; Z2103, «ранняя сарматская», к юго-западу от Урала, Q1a – из восточного Казахстана (см. карту).

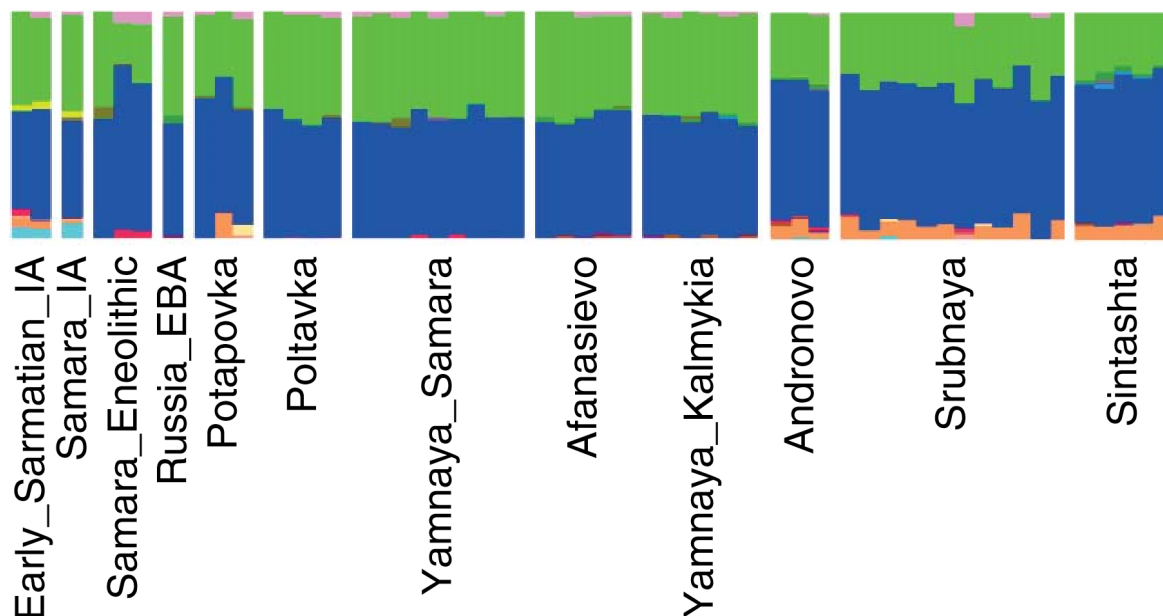
Собственно, на этом данную информацию можно было бы закончить, потому что гаплогруппы в последней статье не обсуждались, и даже не приводились (им было уделено десяток строк в приложении объемом 92 страницы, с описанием сугубо технических деталей типирования). Так, было сообщено, что R1a-Z645 скорее всего недотипирован. Что же тогда обсуждалось? А то, что я писал выше о «геномных» статьях Reich – вязко, мутно, неопределенно, противоречиво, и в итоге... что оказалось в итоге, опишу и прокомментирую ниже.



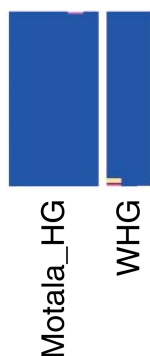
География ископаемых ДНК скифов (по определению в рассматриваемой статье). Образцы с 1 по 3 в статье называют «западными скифами», с 4 по 7 – «восточными». Y-хромосомные гаплогруппы определяли в образцах 3 (R1b-Z2123, «ранний сармат», V-II вв до н.э., к юго-западу от Урала), 4 (Q1a-F903, Восточный Казахстан, IX-VII вв. до н.э.), 5 (R1a-Z645, культура Алды-Бель, VII-VI вв. до н.э., Тува, Аржан-2), 6 (R1a-Z93, пазырыкская культура, IV-III вв. до н.э., Алтай). В участках 1, 2, 7 Y-хромосомные гаплогруппы не определяли, только мтДНК и геномные данные.

По статье красной нитью проходит, начиная с Абстракта, что геном показал, что скифы «могут быть наилучшим образом описаны как представляющие собой смесь компонента ямной культуры и восточно-азиатского компонента». На самом деле, как показывают найденные гаплогруппы скифов, среди них есть R1b-Z2123 (и R1a) и Q1a. Действительно, первый субклад был во множестве найден в ямной культуре, а последний – типичный для сибирских народов. Фокус в том, что «широкогеномные» всё смешивают и усредняют. Вот и получается «смесь компонентов». На деле – это разные рода, которые поколение за поколением наследуются по мужской линии. Прочитаем еще раз выделенное курсивом – и что это дает для понимания скифов? Чем это отличается от «да, Скифы мы! Да, азиаты мы»? Вообще получение данных и их обсуждение на уровне «смесь компонентов» и «похожести», «admixtures» и прочее – это шаги назад по сравнению с подходами ДНК-генеалогии.

Но дело еще хуже – ниже показана диаграмма «геномных компонент» для ряда выборок, составленных из ископаемых ДНК разных культур и времен, и представленная в рассматриваемой статье. Мы видим, что все они практически одинаковы, не считая минорных вариантов. Рядом сидят ископаемые ДНК из культур потаповской и полтавкинской, первая культура R1a, вторая – R1b. Они практически идентичны как по «синей» компоненте, так и по «зеленой», но что означает та и другая – «широкогеномные» не знают.



Проблема усугубляется тем, что сплошную синюю компоненту имеют ископаемые ДНК из Моталы (Швеция), все пять из которых имели гаплогруппу I (одна I, три I2a и одна I2c с датировками 3780±130 лет назад для первой, и 7730±180 лет назад для остальных четырех), и такая же синяя – ископаемые WHG (то есть «западные охотники-собиратели»), которые имели в большинстве гаплогруппу G2a, и на втором месте I2a, в сумме примерно 70% от всех.



Так что означает синий цвет, который занимает примерно 50% «компонент» и в ямной культуре (R1b), и в полтавкинской (R1a), и в потаповской (R1a), и в андроновской (R1a), и в срубной (R1a), и в синташтинской (R1a), и в афанасьевской, которую авторы на основании «сходства с ямной» зачисляют в R1b, причем считают, что те R1b пришли в афанасьевскую культуру именно из ямной культуры, а не в обратную сторону?

Тот же синий цвет – и у ранних сармат, у которых найдена гаплогруппа R1b-Z2103. То, что сарматы имеют ту же гаплогруппу, что и ямники, и

цвет почти одинаков (кроме дополнительных минорных цветовых «компонент» у сармат) – замечательно, но что делать с тем, что такие же цвета и у культур с гаплогруппой R1a?

«Широкогеномный» и прочий популяционный генетик, конечно, скажет, что, мол, причем здесь гаплогруппы Y-хромосомы, цвета другие компоненты ДНК определяют. Встречный вопрос – какие? Да кто бы ни определял, сравнение (и интерпретации) ведь по цветам проводятся? мтДНК тоже здесь безотносительны, так как у образцов из Моталы (Швеция) они все U (U2 и U5) и одна T1a1, а у «раннего сармата», например, мтДНК M. А у срубной культуры – букет из U5, H5, J2, T2, H3. Так что, друзья, измеряете? Или то, что компьютер покажет, после разноплановых сортировок?

Иначе говоря, если цвета что-то и показывают, то за пределами тех интерпретаций, которые «широкогеномными» делаются. Вот и получаются «выводы», что *«наш анализ показывает, что восточные скифы (напомним, что это скифы гаплогрупп R1a и Q1a - ААК) образовались наиболее вероятно из одной единственной популяции, в то время как два других сценария, которые предполагают, что восточные скифы разошлись из других ранее разошедшихся популяций, получил очень малую степень статистической поддержки»*. Замечательно, не так ли? R1a и Q1a – имеют одно и то же происхождение. Так показал компьютер. Авторы продолжают – *«генетические дистанции между комбинированными (! – ААК) группами скифов, восточными и западными (напомним, что западные – это R1a и R1b, восточные – R1a и Q1a согласно данным статьи) показывают, что лучше всего подходит мультирегиональная модель, хотя модель западного единого происхождения также получает некоторую поддержку, и не может быть сброшена со счетов»*. Информативно, не так ли? В то время как беглый взгляд на гаплогруппы сразу показывает, что они, R1a, R1b, Q1a имеют, разумеется, различное происхождение.

Вообще пытаться найти «происхождение», манипулируя усредненными параметрами с неясным смыслом – дело совершенно проигрышное. И тут же авторы продолжают – *«наши результаты показывают, что западные и восточные группы скифов возникли независимо»*. И это опять неверно, потому что «восточные» группы скифов у авторов – это R1a и Q1a, нельзя их объединять для «выяснения происхождения». Авторы опять подводит привычка всё усреднять. Но это грубое нарушение простейшего математического (даже арифметического) правила – нельзя усреднять разные сущности, как в данном случае популяции R1a и Q1a. Большая ошибка. А авторы опять за своё – *«наше моделирование свидетельствует в пользу непрерывного потока генов между скифскими группами железного века, указывая на асимметричный поток генов от западных к восточным группам, скорее, чем в обратном направлении»*. Очень информативно, не так ли? Хочется спросить – вам что, делать нечего? Вы не хотите даже на гаплогруппы посмотреть, не говоря о гаплотипах,

поэтому наводите седьмую воду на киселе, зачем вам в такой мутной ситуации «направление потока генов»? Что это вам даст, на какую историческую загадку ответит? Да при такой вязкости и мутности расчетов и изложения вообще ни на что не ответит.

Поскольку мы знаем, что в андроновской культуре обнаружена древняя ископаемая гаплогруппа R1a-Z93, и она же обнаружена в пазырыкской культуре, то понятно, что между ними есть «linkage», то есть генеалогическая связь. Но авторы опять не хотят смотреть на гаплогруппы-субклады, и вместо того используют программу ABC, рассчитывают «низкие величины F_{ST} между этими группами», и приходят к выводу «об очень сильной поддержке наличия такой связи». Ну, замечательно, нашли таки. Хотя это и на глаз видно, без расчетов, просто смотря на R1a-Z93 там и там. Однако не тут-то было – *«эти симуляции не позволяют полностью выявить картину генетического разнообразия, наблюдаемую в популяциях железного века, предполагая, что истинная демографическая история предковости популяций железного века может быть более сложная, чем рассматривалась здесь»*. Немудрено – когда стреляют из пушки по воробьям, всегда наблюдаются разные осложнения, не предполагаемые заранее.

Выводов в статье нет, что тоже не удивительно. Туда, в выводы, нечего и помещать. Разве что выявили четыре ископаемых гаплогруппы-субклада, но об этом в самой статье вообще не упомянуто, только, как уже говорилось, в нескольких строках в Приложении. В Абстракт вошел только один «вывод», который авторы, видимо, особенно ценят – *«моделирование предлагает независимое происхождение западной и восточной (скифских) групп с потоком генов между ними, что вероятно (удобно) объясняет поразительную однородность их материальной культуры. Мы также нашли свидетельства, что значительный поток генов из восточной в западную Евразию мог происходить в течение раннего железного века»*. Вот, собственно, и всё, чем закончилось изучение 113 образцов скифов (в основном мтДНК).

Приложение - дополнение

Перед публикацией этой статьи я направил ее для возможных комментариев нескольким специалистам по гаплогруппам-субкладам, с вопросом – не пропустил ли чего важного из упомянутых публикаций. Ответы были, что ничего не пропустил, что меняло бы рассмотрение, выводы и заключения моей статьи, а также критику обсуждаемых подходов. Но один присланный комментарий был более глубоким и детальным, из тех, что я особенно приветствую, в том числе когда и не всегда согласен с критическими положениями. Поскольку я не имею этического права опубликовать сам комментарий без согласования, которого не было, поэтому публикую только свой ответ. Из него ясно,

какие замечания и предложения были выдвинуты в исходном комментарии.

* * *

Признателен за замечания-соображения. Их по сути два. Первое - это когда при нахождении на одной территории или в одной культуре (вовсе не обязательно из одного и того же захоронения, как Вы пишете) я употребляю фразу (по-моему, два раза в двух разных случаях), что это были разные племена или очень древнее племя. На мой взгляд, не имеет большого значения, является ли эта ситуация "стандартной для большинства эгалитарных обществ", я ведь не про наблюдение, а про объяснение. Как я понимаю, Вы используете понятие "эгалитарное общество" как раннее (первобытное) общество, где не было элит, где все были равны. Но я не думаю здесь в политических понятиях, как и в понятиях отсутствия "этнообразования", как Вы даете на примере ашкенази. Меня не интересует "этнообразование" в данном случае, я исхожу из конкретного факта и соответствующего вопроса - как в одной культуре оказались чрезвычайно удаленные друг от друга ДНК-линии, которые филогенетически разошлись 12-18 тысяч лет назад, и вот живут вместе, причем в примерно равных количествах.

Как противоположный пример можно привести современные R1a и R1b в западной Европе и в восточной Европе. На Западе доминируют R1b, на Востоке R1a, где в России, например, первых всего примерно 5%, а в западной Европе наоборот. Это как, эгалитарность или нет? То, что в Индии масса R1a, но практически нет R1b - это эгалитарность или как? Полагаю, что эта игра в термины здесь не подходит. Основная причина - миграционные механизмы, а не "эгалитарность", которая, на мой взгляд, не объясняет явление, а просто прячет его за терминологию. И мы знаем, что в случае Западной Европы и Индии миграции R1a и R1b были принципиально раздельными. То, что порой мы видим вкрапление одной из двух этих гаплогрупп в захоронение, вовсе не отменяет правило, особенно когда захоронение "чужака" было по обряду "титულიной" группы, иначе говоря, он был своим, а гаплогруппу у него никто не определял. И в стае уток попадает гусенок, но мы не говорим об "эгалитарности", там как раз есть вожак. Еще пример - в цепи ископаемых культур R1a - срубной, потаповской, андроновской, синташтинской не было R1a-M458, как нет их и в Индии, но мы не используем термин "эгалитарность", там другие механизмы и ответы, почему они не мигрировали вместе.

По моим данным, гаплогруппа G2a еще 14 тысяч лет назад была в Передней Азии (в частности, на территории современного Афганистана), оттуда они, похоже, мигрировали в Европу, и прибыли туда вскоре после Ледника. Причем, как видим, обе основные ветви G2a,

филогенетически разошедшиеся 12-18 тысяч лет назад, в Европе живут в одной культуре (не обязательно, повторяю, вместе, и попадают в одно захоронение, как правило, захоронения разделяют сотни и тысячи лет). Вот я и пишу - либо они, выйдя из Афганистана, мигрировали вместе, или соседними племенами, или мигрировали отдельно, и жили в Европе отдельно, но культурно взаимодействовали, образовав одну археологическую культуру. Это - не мой вопрос, это вопрос историков, работающих с культурными признаками, это их хлеб, поэтому я никогда не употребляю терминов типа "эгалитарность". Но считаю нужным отметить факт наличия разных ДНК-линий в одной культуре. Хотя бы для информации историкам, которые в субкладах не разбираются.

Теперь о геноциде в Европе в III тыс до н.э., который привел к гибели Старой Европы, о чем историкам известно уже десятки лет. Цитирую Ваше замечание - "Что характерно, датировки большинства современных "степных" линий приходятся на время (от 2000 до 1200 лет назад), когда по историческим данным, происходил не геноцид, а, напротив, начинался рост численности и могущества народов, среди которых эти линии представлены". И далее Вы переходите к "главному выводу...- знаком социального переустройства". По упомянутой выше причине я избегаю и рассуждений о "социальном переустройстве", на мой взгляд - это не вопрос ДНК-генеалогии. Да, датировки общих предков популяции (в ДНК-генеалогическом смысле) 2000-1200 лет назад можно объяснить приумножением численности носителей соответствующих линий, но это не противоречит тому, что эти линии прошли бутылочное горлышко популяции в предшествующее время, когда сама линия образовалась многие тысячелетия назад. И вовсе не обязательно это знак "роста могущества", достаточно просто благоприятных условий выживания и размножения. Например, появление восточно-европейских линий I2a в конце прошлой эры и их быстрый рост вовсе не обязательно говорит об их тогдашнем "могуществе", какое там могущество при начале роста линии в малом числе представителей 2200 лет назад... Видимо, римскому Пятому Легиону (по-моему, он тогда был на Балканах) они были просто неинтересны, а земля плодородная, вот вскоре и размножились. Вот потому я избегаю оперировать терминами и понятиями НЕ ДНК-генеалогии, потому что залезать в чужую (социальную) область при многочисленных вариантах механизмов, и выбирать один, который приглянулся - это не для меня.

Еще пример - R1a на Алтае с датировкой общего предка примерно 850 лет назад, хотя пазырыкская культура на тысячу лет более древняя, а тагарская, таштыкская и прочие - еще древнее. Что, начало могущества этих монголоидных носителей R1a? Вряд ли, скорее их просто истребили супостаты (монголы? китайцы? другие?), некоторые выжили, а супостаты ушли по своим делам, например, с войсками Чингиз-хана, и

время подходящее. Называть это "гапловойнами" бессмысленно, супостатам было все равно, какие у тех алтайцев гаплогруппы. Как бессмысленно называть "гапловойнами" геноцид, приведший к гибели "Старой Европы", там не гаплогруппы избирательно уничтожали, а просто мужское население. И в Америке не "гапловойны были", а уничтожение коренного населения, механизм тот же. То же было с евреями во все времена, там не "гапловойны" были, а преследования и порой фактически геноцид разной степени интенсивности. "Пестрота генеалогических линий" у евреев опять же не при чем, кто выжил, те линии и сохранили. Уничтожили бы всех, или хотя бы до бутылочного горлышка - и пестрота пропала бы, или значительно редуцировалась.

Чтобы разобраться с социальными причинами явлений в древности, надо, на мой взгляд, не с терминологией играть, а внимательно разбираться со всем множеством привходящих факторов - и климат, и катастрофы, и эпидемии, и геноцид, и, наверное, многое другое. ДНК-генеалогия может разобрать лишь некоторые из них, но которые могут оказаться важными. Например, при общей гибели пропадают в равной степени как Y-ДНК, так и мтДНК, а при геноциде мужского населения, как обычно при набегах супостата, особенно которые нацелены на захват территории, пропадает только Y-ДНК, как и произошло в Европе в III тыс до н.э.

Еще о замечании-комментарии относительно "южного маршрута" гаплогруппы R1a, который в контексте обсуждаемых данных выглядит, по Вашему мнению, как чисто умозрительная конструкция". На самом деле относительно контекста обсуждаемых данных я написал в статье так:

"Фактом является то, что ни в одном случае из 82 ископаемых ДНК в Венгрии, Германии и Испании (с датировками от 7800 до 4350 лет назад) ни разу не встретилась гаплогруппа R1a, хотя она намного раньше встречается в Прибалтике (культура ямочно-гребенчатой керамики, другие мезолитические культуры), и была найдена в Германии (Эулау) с археологической датировкой 4600 лет назад. Либо не там искали, либо пути ее миграции в Европу нам еще недостаточно известны. Ясно, что примерно 5500 лет назад (гаплогруппа R1a-Z645) она в Европе была, там же началось расхождение ее пра-индоевропейского языка на ветви, и там же примерно 5200 лет назад возникла культура шнуровой керамики, без сомнения, культура носителей R1a, и скорее всего R1a-Z645 > Z283 > Z283 > Z280.

Так что мы наблюдаем явное противоречие, или несогласованность в экспериментальных данных, и нас, вполне возможно, ожидает лавина данных по наличию гаплогруппы R1a в древней Европе. Возможно, на Балканах и/или в трипольской культуре".

Есть хорошее правило - отсутствие доказательств не есть доказательство отсутствия. Поэтому не надо торопиться и закрывать глаза на то, что на самом деле уже имеется. Например, мы знаем, что в Германии нашли ископаемую R1a (с датировкой 4600 лет назад), а в обсуждаемой «широкогеномной» статье гаплогрупп R1a в Германии не нашли. Что делать будем? Продолжать торопиться?

Это еще раз показывает, что с информацией по ископаемым ДНК надо обращаться разумно-осторожно. Если пока не нашли, не надо торопиться сообщать, что и не найдут. Если нашли единичный образец, не надо торопиться оповещать, что картина ясна, надо исходить из того, что он может быть случайным, и внимательно смотреть на археологический контекст - культуры, труположение, и непременно понимать, какими маршрутами он туда мог попасть, как это согласуется с общей картиной. Если не согласуется - надо быть трижды внимательным и избегать категорических выводов.

Да, на севере Русской равнины нашли R1a в культуре ямочно-гребенчатой керамики, и на Южном Оленьем острове. Но остается открытым вопрос, как они туда попали, каким маршрутом. Без ответа на этот вопрос южный маршрут не может быть отвергнут. А в его пользу говорят и R1a в Тибете и Гималаях, и древние (по происхождению) R1a на Иранском плато, и древние (по происхождению) R1a на островах у Мадагаскара (Коморские острова), и возможные R1a (судя по труположению) на Балканах, в Лепенском Вире. Данные по пра-ИЕ языкам в Анатолии тоже никто не отменял. Все это требует более прямых проверок, но это нормальное дело.

А.А. Клёсов

Дискуссия продолжилась, но пошло, как обычно, по малозначительным «позициям», типа перетягивания бечевки, вовсе не каната. Здесь это неинтересно. Например, оппонент сообщил, что гаплотипы алтайских R1a сводятся к общему предку не 850 лет назад, а 1200 лет назад (что, впрочем при 850 ± 150 и 1200 ± 200 лет назад почти неотличимо друг от друга в пределах статистической погрешности расчетов), и что «Чингизхан и прочие супостаты тут не при чем, они родились на 400 и более лет позже». Ну что мне, реагировать на фразу про «прочих супостатов, которые родились на 400 и более лет позже»? Тем более что я приводил этот пример вовсе в другом контексте, а именно что пазырыкская культура значительно более древняя, а тагарская, таштыкская и прочие - еще древнее, будь алтайские R1a давностью 850 или 1200 лет, это не имеет значения. И на Чингиз-хане я не фокусировался, написал «супостаты (монголы? китайцы? другие?)». И опять в другом контексте, а именно, что прохождение бутылочного горлышка и приумножение

популяции вовсе не обязательно свидетельствует о «могуществе», а просто о благоприятных условиях роста популяции. Пишу об этом здесь потому, что еще раз подчеркиваю, как дискуссия после первого обмена мнениями (часто полезными) тут же становится контр-продуктивной, мельчает, потому что во главу угла, как правило, выползают амбиции, желание непременно переспорить, пусть в мелочах. Давайте этого избегать.

«Широкогеномная» популяционная генетика на марше

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Статья «Геномный взгляд на происхождение фермерства на древнем Ближнем Востоке» вышла относительно недавно, 25 августа 2016 года, в журнале Nature. В авторах – 53 человека. Первый автор, который обычно пишет статью, или является автором идеи статьи, это Iosif Lazaridis, а последний, обычно главный начальник, David Reich.

В который раз я провожу рассмотрение результатов очередного исследования «широкогеномных» популяционных генетиков, и каждый раз вижу набор тех же заблуждений, необоснованных допущений и приближений, совершенно безосновательных выводов и заключений. Как написал мне известный американский генетик, с этими авторами невозможно провести нить повествования от статьи к статье – каждый раз они перескакивают на новые приемы, не обсуждая того, а как бы выглядели выводы и заключения их же предыдущих статей, опубликованных совсем недавно, если бы те же приемы были использованы в предыдущих статьях. Ясно, что они были бы другими, но авторы уже побежали дальше, обсуждений и плавных переходов от прошлых статей нет, статьи представляют собой некие разорванные фрагменты, проверить то, о чем оповещалось ранее, уже невозможно. Нарушается главный принцип научной методологии – проверяемость, верифицируемость, воспроизводимость.

От статьи к статье складывается понимание, что популяционными генетиками последовательно создается некая ниша, далекая от науки, но уже всюю раскрученная в СМИ, статьи на эту «широкогеномную» тему с «историческим» уклоном охотно принимают ведущие научные журналы мира, статьи не рецензируются, или рецензенты, конечно же, из своей среды, автоматически эти статьи проштамповывают. Даже беглый взгляд на эти статьи показывает, что тиражируется откровенный блеф. Эта «нишевая» наука очень удобна – проверить ничего невозможно, всё считает компьютер по неким заложенным правилам с массой допущений и приближений, можно писать что угодно, любые фантазии на «исторические темы», безнаказанность полная (по представлениям авторов), каждый из десятков авторов получает публикацию в Nature (или другом престижном журнале), как и все последующие цитирования, СМИ заходятся в восторге.

Вот и в новой статье – 53 автора, среди них мелькают имена тех, кто многократно выдавал научные сенсации ранее, и к которым (сенсациям и прочим положениям) авторы уже никогда не возвращались, и остается только гадать – они продолжают их (сенсаций и прочих положений) придерживаться, или давно уже от них отказались. У попгенетиков, в том числе и «широкогеномных», не принято признавать или даже упоминать прошлые ошибки и заблуждения, и даже просто поправки. Например, автор О. Semino уже давно объявляла об «украинской» гаплогруппе R1a, которая якобы образовалась на Украине и ее первые носители якобы прятались от морозов во время Великого ледникового периода где-то в украинском убежище, и даже в Википедии об этом появилась отдельная статья «Украинское ледниковое убежище», потом была снята. Семино писала, что у нее есть данные о появлении там этой гаплогруппы, но данные так никогда и не появились, как и не были дезавуированы. Так и зависли. Та же Семино, как и многие авторы статьи, много лет использовала «скорости Животовского», получая совершенно фантазийные датировки, но они так никогда и не сообщили, что от них отказались и считают неверными. Или продолжают считать их верными? Тайна сия велика есть. Кстати, Семино – опять в авторах статьи, которую мы сейчас разберем.

Не упоминают о выводах по находке ископаемых костных останков «мальчика из Мальты» с гаплогруппой R на Байкале с датировкой 24 тысячи лет назад, геномный анализ которых якобы показал, что потомки того мальчика, или, скорее, потомки его семьи, отправились на восток и стали американскими индейцами, причем авторы не подумали, что среди американских индейцев гаплогруппы R или ее нисходящих гаплогрупп-субкладов нет, у индейцев гаплогруппа Q и немного C. Но геном якобы так показал, так показал компьютер, перемолов миллионы снипов того мальчика и тех индейцев, и показав, что они «похожи», а сами авторы подумать не захотели, или не смогли, что из гаплогруппы R гаплогруппы Q или C никак не получится, так что никакой прямой связи с Америкой у гаплогруппы R в древние времена не было. А уж как пресса была в восторге... А «похожи» просто потому, что у гаплогруппы R и гаплогруппы Q был один предок – гаплогруппа P. Так что один брат (R) ушел в одну сторону, в итоге в потомках в Европу, другой (Q) – в другую, в итоге в Америку, только и всего. Понятно, что братья по геному похожи. А пресса, следуя за выводами статьи – «Ура, нашли, что европейцы – предки американских индейцев!», была в восторге, продолжая дезинформировать публику. Вот такой «широкий геном».

Ни словом не упоминаются фантазийные выводы предыдущей «широкогеномной» статьи тех же авторов – Reich, Lazaridis, Rohland, Mallick, Stewardson, Harney, Fu, Krause, Patterson и другие – о том, что носители гаплогруппы R1b из ямной культуры перешли с Русской

равнины якобы напрямую в Европу, якобы принеся с собой индоевропейские языки и якобы породив культуру шнуrowой керамики. Об этой статье и ее авторах директор института археологии в США сказала, что это отражение фантастической безграмотности. Но так, оказывается, «показал» геном, точнее, так показал компьютер, или так авторы интерпретировали то, что показал компьютер. Но если к такой «фантастической безграмотности» приводит «широкогеномная» методология, то, может, надо в консерватории что-то поменять? Потому что как тогда воспринимать последующие результаты, выводы и заключения «широкогеномных» исследований?

Или как излагает подобные по стилю выводы С. Боринская, ведущий научный сотрудник лаборатории анализа генома Института общей генетики РАН, которая, по ее словам, «получила образование в детском саду», что *«согласно генетическим данным, примерно 70 тысяч лет назад люди покинули Африку, переправились через узкий пролив, отделяющий ее от Аравии, и стали двигаться на восток вдоль берега океана, используя богатые пищевые ресурсы береговой полосы»*. Ей ответил антрополог Г. Дзибель, выпускник кафедры антропологии Стенфордского университета (США): *«Уверю Вас, что у популяционной генетики нет методов, позволяющих определить, что люди пересекают проливы и используют богатые пищевые ресурсы»*. Недавно вышла очередная статья американских исследователей, которая возражает против этого «южного пути выхода из Африки». Так зачем было Боринской живописать? А потому что нет ни знаний, ни квалификации, их заменяют фантазии. Потому и цитируют ее крайне мало, это геномного-то «специалиста», как предметно описано в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (Книжный мир, М., 2016).

Я могу только добавить к справедливому комментарию Г. Дзибеля, что это – наглядный пример профанации генетиками, в данном случае в лице Боринской, которая не только фантастически безграмотна, но и обманывает читателей, представляя то, что она называет «согласно генетическим данным». Вот именно так создавалась легенда о якобы «выходе человечества из Африки». На самом деле не было никакого «примерно 70 тысяч лет назад», как и всего остального, о чем излагала Боринская. Это и есть отсутствие у Боринской и иже с ними даже минимальной научной школы.

Приступаем к новому исследованию «широкогеномных» специалистов, опубликованному недавно в журнале Nature, понимая, что ни одного заявления там нельзя принимать на веру, и последовательно это показывая. С этим у авторов большие трудности.

Для начала – кто такие «фермеры», тем более «первые в мире», как гласило название той же статьи в ее предварительном варианте (опубликовано в журнале bioRxiv в том же 2016 году)? С этим просто –

это новояз попгенетиков. Их жаргон. «Фермеры» – это те, кто не «охотники-собиратели». «Охотники-собиратели» – это те, кто жили более 7000 лет назад, а «фермеры» – это те, кто жили менее 7000 лет назад. Что они на самом деле делали – никто все равно не знает. Наверняка среди «фермеров» были профессиональные военные, или те же охотники, или, скажем, стеклодувы, неважно, они на жаргоне «фермеры». Поэтому название статьи на самом деле о геноме первых «фермеров», разумеется, не «фермерства» (farming), они и в названии умудрились напутать со своим вязким языком, который преследует их по всей статье, то есть тех, кто жили менее 7000 лет назад, но и это условности. В статье много и про тех, кто жили намного более 7000 лет назад, и «фермерами» по такой классификации быть никак не могли, но они всё равно «фермеры», не менять же название статьи, не так ли? В общем, тех, кто жили давно. На самом деле речь о неких фрагментах ДНК, и о том, что эти фрагменты могут сообщить исследователям. А именно, какие фрагменты ДНК имели те, древние костные остатки которых выбрали для исследования, и куда носители тех фрагментов ДНК передвигались в те давние времена. Вот, собственно, цель статьи. К «фермерству» это, конечно, не имеет никакого отношения.

Эти фрагменты ДНК были в костях древних мужчин и женщин, но это авторы статьи не детализируют, да и не сообщают. Отдельно Y-хромосому не рассматривали, рассматривали усреднения тех фрагментов ДНК, мужских и женских. Напомню, что сотни тысяч и миллионы фрагментов тех ископаемых ДНК заводили в виде последовательностей нуклеотидов в компьютер, и компьютер сам пытался разобраться (точнее, от него ожидали, что он разберется), почему сотни тысяч и миллионы фрагментов из этого огромного набора были «похожи» друг на друга (критерии похожести закладывали исследователи) – или потому, что они связаны наследственностью, или потому, что похожи случайно, или потому, что обязаны были быть похожими, потому что отвечали за одни и те же функции в организме человека. А потом сравнивали эти «похожести» с геномами современных людей из баз данных, и смотрели, насколько фрагменты ископаемых ДНК похожи на те, которые из баз данных с определенных территорий и регионов. Например, «стандартный русский геном» есть в двух вариантах – тот, который получили у жителя на границе с Финляндией, и тот, который получили у жителя Средней Азии. Об этом уже было на Переформате. «Похож» – значит, русский. То есть финн или среднеазиат, а впрочем, это для попгенетиков одно и то же. То, что это действительно мог быть финн или лопарь, или другой среднеазиат, авторов уже не интересует. Им что российские попгенетики дали, то они и пустили в дело. Компьютер сравнивает, к нему и вопросы. Наверное, у читателей уже поднимаются брови. Правильно поднимаются. Это, так сказать, настоящая наука. «Ваковская», любимое слово российских попгенетиков.

Пошли дальше. Сначала смотрим на Абстракт статьи. Напомню, что Абстракт должен сообщать, что нашли, в данном случае при изучении ДНК древних «фермеров», какие основные выводы. Итак, он сообщает, что изучали ДНК, то есть «широкий геном» 44 древних людей с Ближнего Востока, археологическая датировка которых была между 12000 и 1400 лет до н.э., то есть древностью от 14 тысяч до 3400 лет назад. Это, поясняют авторы, от натуфийских охотников-собирателей до «фермеров» Бронзового века. Почему тогда в названии статьи именно про «фермерство» – непонятно; видимо, чтобы «красивше» было. Ну да ладно.

Дальше идет ключевой оборот «мы показали» – *«мы показали, что самые ранние популяции на Ближнем Востоке выводят примерно половину своего происхождения из «базальной Евразийской линии», в которой практически нет неандертальской примеси, и которая отделилась от остальных неафриканских линий перед их отделением друг от друга»*. Понять трудно, но это обычный стиль популяристов. Попробуем оценить значимость вывода, в той мере, в какой авторы статьи его решили донести до читателя, причем в Абстракте. Итак, та самая ранняя популяция (запомним это, чтобы потом понять, откуда решили, что она самая ранняя) образовалась от «базальной» (это, наверное, «архипредковой») евразийской ДНК-линии, в которой неандертальцы следов не оставили. То, что она «отделилась перед их отделением» – мутно, но в целом понятно, что это тавтология, иначе бы та «базальная» не была предковой, если бы отделилась позже. Это напоминает «я оглянулся посмотреть, не оглянулась ли она, чтоб посмотреть, не оглянулся ли я».

Далее Абстракт сообщает, что первые «фермеры» южного Леванта (это современные Израиль и Иордания) и гор Загроса (Иран) генетически отличались друг от друга, и каждый произошел от местных охотников-собирателей. Это тоже тавтология, потому что «фермеры» произошли от «охотников-собирателей» просто по определению, которого придерживаются авторы, и понятно, что если бы это были одни и те же охотники-собиратели, то никакого генетического различия у тех производных «фермеров» не было бы. Значит, произошли от разных, а то, что они были «местными», авторы статьи, конечно, не знают, но постулируют. По понятиям.

Далее из Абстракта мы узнаем, что к временам Бронзового века те две популяции, из Израиля, Иордании и Ирана, а также анатолийских «фермеров» (о которых ранее в Абстракте не сообщалось) все перемешались друг с другом, а также и с европейскими «охотниками-собирателями». Само собой, раз перемешались, то генетическое различие между ними резко уменьшилось. При этом шли и другие процессы – «фермеры» из Анатолии распространились на запад, в Европу; «фермеры» из Леванта распространились на юг, в Восточную Африку; «фермеры» из Ирана распространились на север, в

евразийские степи (мы на этом далее остановимся – ААК); наконец, потомки «фермеров» из Ирана и евразийских степей распространились далее на восток, в Южную Азию.

На этом Абстракт закончился. Это, видимо, и было главное, что представлено в статье. Суть предлагаемого авторами понятна – первопредками всех людей на планете, о которых сочли нужным говорить в статье, являлись первые «фермеры» Анатолии, Израиля, Иордании и Ирана, которые (и потомки которых) расселились в Европу, Восточную Африку, евразийские степи и Южную Азию, и произошло это к началу Бронзового века. Это несколько странно, поскольку начало Бронзового века датируется в Анатолии и в Иране примерно 5000 лет назад, на Ближнем Востоке примерно 5500 лет назад. Уже существовало шумерское государство, основатели которого пришли, видимо, миграциями с севера, через Кавказ, эрбины уже подходили к Пиренейскому полуострову, чтобы около 5000 лет назад начать расселяться по Европе, арии в Европе уже разошлись 5500 лет назад и начали арийские миграции, которые прошли через Русскую равнину по степным и лесостепным территориям и в итоге арии оказались в Иране (а не вышли из Ирана, из Ирана на север вообще непонятно, кто выходил, доарийское население? Эламиты? Касситы? Шумеры? Аккадцы?) и в Индии, а также в Малой Азии и в Сирии и других странах Ближнего Востока. Иначе говоря, представлять дело так, что из «фермеров» Анатолии, Израиля, Сирии и Иордании произошло человечество Европы и Азии, включая Южную Азию (видимо, Индию и Китай), является кардинальным упрощением. Куда там деть, например, миграции гаплогрупп R1a и R1b? Куда их зачислять, 4-6 тысяч лет назад, в «фермеры», по классификации популяционных генетиков? Но они с Ближнего Востока и Анатолии не расходились, они туда, напротив, приходили. Как-то они плохо вписываются в предлагаемую авторами схему. Может, потом в статье будет разъяснение?

Но по мере чтения статьи, пробираясь через дебри уклончивых, запутанных и противоречивых описаний, которые, как выяснилось по ходу чтения, к геному вообще не имели отношения, точнее, геномные данные можно было вертеть как угодно и в любую сторону, приходило понимание того, что схемы и интерпретации авторов излагались независимо от того, что показывал геном. На самом деле он ничего не показывал, что можно было бы однозначно интерпретировать. К рыхлым и уклончивым описаниям авторов добавляли рыхлые и уклончивые «геномные данные», которые можно было поворачивать туда и сюда, и в итоге авторы что хотели, то и могли обосновать «геномом». Хотели обосновать, что ямники шли с Волги напрямую в Европу – пожалуйста, вот и геном показывает то же самое. Хотели обосновать, что они несли в Европу ИЕ языки – нет проблем, вот и геном то же показывает (хотя ясно, что в геноме никаких языков нет). Хотите

показать, что люди вышли из Африки, пересекли пролив и «использовали богатые пищевые ресурсы» – ради Бога, нет проблем, вот и геном то же показывает. Вот и пролив показывает, вот и пищевые ресурсы там же, неужели не видите? Так утверждает С. Боринская, ведущий научный сотрудник «по геному». Профанация на профанации. И что «мальчик с Байкала» с его геномом ходил в Америку, и породил американских индейцев – геном тоже показывал, а когда выяснилось, что гаплогруппа не та – то геном с радостью это тоже подтвердил, типа, ошибочка произошла, не ходил мальчик с Байкала в Америку, вот и геном показывает, что не ходил. Причем когда ответ заранее известен, или авторы так думают, что известен, то геном, разумеется, то же и подтверждает. А когда ответ не известен, то его придумывают, и геном тут же опять подтверждает. А потом переделывают, и геном опять подтверждает, типа, правильно переделали, раньше было неправильно, хотя геном тоже подтверждал. Наука такая, толерантная. Геномная погнетика.

Возвращаемся к древним фермерам в диапазоне времен между 14000 и 3400 лет назад, из которых по определению первые 7000 лет они не были фермерами, но в названии статьи стоит «фермерство», хотя все понимают, что это не имеет никакого значения. Наука такая, погнетика. Слова ничего не значат, потому что всё «по понятиям». Например, в первых строках статьи указывается, что **современная** западная Евразия («включая Европу и за ее пределами») «относительно гомогенная», что никак не обосновывается. Да и вообще это ерунда какая-то – какая же «гомогенная»? Это что, тоже геном показал? В каком смысле гомогенная, на каком уровне? На уровне чего? Что у всех одна голова и два уха? Или у всех одна гаплогруппа – Y-хромосомная и мтДНК? Но мы знаем, что это далеко не так. Но так написано, объяснения нет. Стиль погнетики. И тут же комментарий – это результат массовых миграций, которые всё перемешали, и «механизм» этого заложили «первые фермеры» с Ближнего Востока. Вот на таком уровне начинается основной текст статьи. А дальше, понятное дело, геном это подтвердит. Замечаете стиль статьи? Сначала формулируется историческая концепция, отражающая взгляды авторов, а затем это «подтверждается геномом». Если кто думает, что геном будет противоречить взглядам авторов, то это – верх наивности.

Дальше речь идет о новой, вводимой здесь методологии исследования, ее технической части для извлечения ДНК из ископаемых костных остатков. Это, судя по описанию, серьезный шаг вперед. ДНК извлекается из области внутреннего уха, что приводит к 100-кратному выходу ДНК по сравнению с извлечениями из скелетных костей. Но нас в данном случае интересует не техника извлечения ДНК, хотя это важно, нас в первую очередь интересует решение исторических загадок. Применение «аутгруппного f_3 анализа» и « f_4 -статистики», как и

программы qAdm нас тоже вряд ли интересуют, хотя это порой показывает, откуда появляются столь фантазийные выводы.

Помогает то, что авторы в конце вводного раздела сформулировали шесть вопросов, на которые исследование должно было дать ответ. Чтобы понять первый вопрос, надо знать, что в предшествующих статьях ведущих авторов было введено понятие «базальной евразийской ДНК-линии», и выдвинуто соображение, что первые евразийские фермеры произошли от этой «базальной линии», которая в свою очередь произошла от линии североевразийских «охотников-собирателей» (это в первую очередь «мальчик из Мальты», других геномов оттуда пока не находили) и восточных азиатов, прежде чем они разделились. Итак, первый вопрос авторов такой – (1) Каково распределение базальной предковой евразийской линии на древнем Ближнем Востоке?

Чтобы осознать смысл этого вопроса и его основы, надо понимать, что и смысл, и основы являются совершенно искусственными. По сути, были взяты ДНК из захоронений древних людей, мужчин и женщин, их, ДНК, усреднили, и назвали «базальной линией». Это – каша из бесчисленного количества фрагментов ДНК, которые компьютер рассортировал так, как посчитал нужным, подразделив на «сходство по происхождению», «сходство по случайности» и «сходство по функции», и, следуя указаниям программы, окончательно усреднил по тем параметрам, что ему предписали. Отныне для любых последующих ископаемых ДНК (или ДНК современных людей) эта усредненная каша выполняет роль «базальной евразийской линии». Таким образом, первый вопрос был о том – а как это выглядит на древнем Ближнем Востоке? Насколько эта «евразийская базальная линия» совпадает (в процентах, конечно, как популяционная обычно и делают) с геномами Ближнего Востока? Понятно, что это будет совершенно формальное описание, но интересно посмотреть, что получится, и какие выводы из этого будут делать. Как сообщают авторы, «евразийская базальная линия» – это гипотетическая ДНК-линия, которая существовала прежде расхождения всех евразийских линий, и для ее расчета были задействованы ДНК древнего усть-ишимского человека, китайская линия Хан, и, как водится, из всего этого вычитали ДНК шимпанзе из зоопарка. Надо бы, конечно, вычитать ДНК общего предка человека и шимпанзе, но такого ДНК нет, поэтому как приближение взяли шимпанзе из зоопарка, а что у него добавилось 464 тысячи мутаций по сравнению с тем общим предком (А.А. Клёсов. Ваша ДНК-генеалогия, 2016, с. 22), и эти 464 тысячи мутаций заодно вычитают, получая «евразийскую базальную линию» – то кого это беспокоит? Популяционная генетика, теперь уже «широкогеномная». Никаких моделирований, какие искажения могут внести эти лишние вычтенные 464 тысячи мутаций, в статье, конечно, нет. Видимо, об этом даже и не подумали.

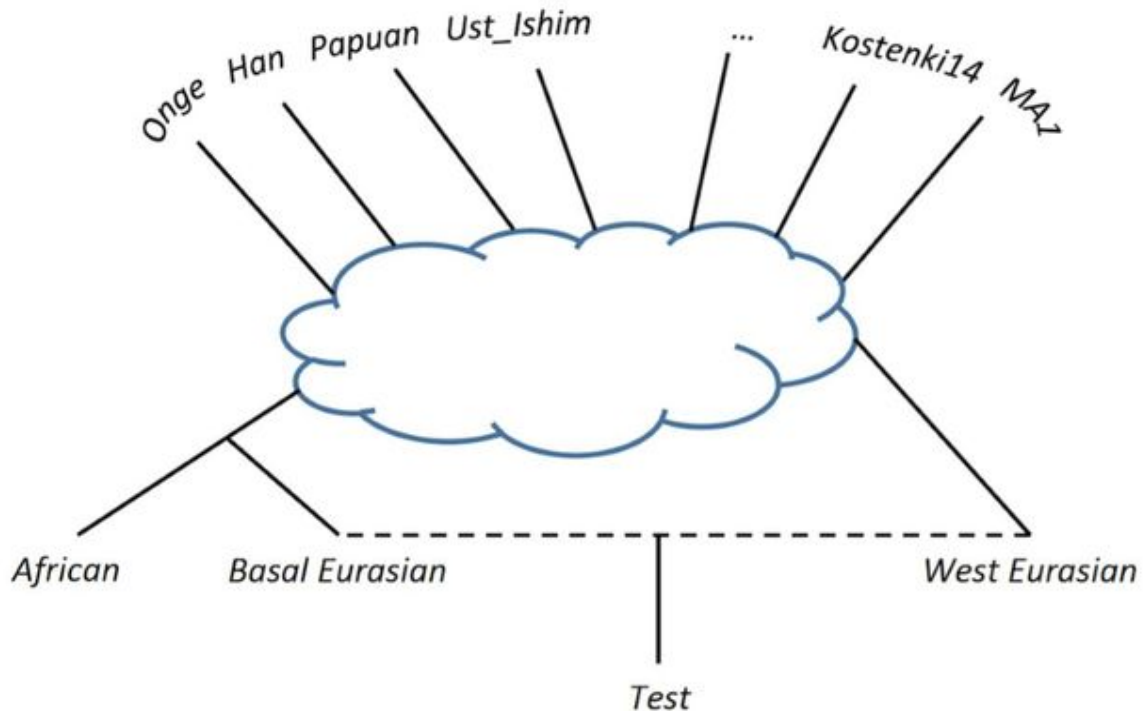
Вопрос (2) – Образовывали ли древние «фермеры» на Ближнем Востоке одну гомогенную популяцию, или они различались по регионам? Вопрос (3) – Имела ли место непрерывность между последними охотниками-собирателями, после которых были уже «фермеры», с этими «фермерами», их сменившими, или «фермеры» как одна расширяющаяся популяция просто согнали «охотников-собирателей» в ранней Европе каменного века? Здесь опять надо дать пояснение, поскольку на самом деле никто не определяет по останкам, были ли это фермеры или охотники, ясно, что никто не разделяет их «по профессиям». Это на самом деле опять профанация. Приходится повторить, что речь идет об условной временной границе – ниже примерно 7000 лет, и выше 7000 лет, хотя на самом деле популяции могут брать любую датировку, какая подойдет по их соображениям. Чтобы осознать суть ответов на эти вопросы и роль генома в этих ответах, можно заранее сказать, что ответ был такой – нет, фермеры не сгоняли охотников-собирателей, потому что «идеи распространяются быстрее, чем люди». Это, про идеи, тоже, видимо, геном показал. Понимаете смысл того положения, что авторы сначала формулируют свои положения, типа того, что «идеи распространяются быстрее, чем люди», а потом говорят, что это геном показал? Ничего этого геном, конечно, не показал, да и не нужен геном авторам, они всё заранее и так знают. Или они так думают. А геном – так, удобный фон, со многими ручками для подвертывания и подкручивания.

Вопрос (4) – Каков генетический вклад древних ближневосточных «фермеров» в более поздние популяции на Ближнем Востоке? Вопрос (5) – Каков генетический вклад древних ближневосточных «фермеров» в более поздние популяции в Европе, в евразийских степях, и в популяции за пределами западной Евразии? Вопрос (6) Что позволяют заключить представленные данные в отношении трансформации популяций в западной Евразии?

Не знаю, как кто, а я, читая эти вопросы, и зная, на какой каше основаны данные о «генетическом вкладе» древних ископаемых ДНК, понимаю, что это будет очередная подгонка под представления «по понятиям». Давайте посмотрим.

Первый раздел (после Введения) озаглавлен: «**Базальная евразийская и неандертальская предковость**». Сообщается, что «базальная евразийская предковость», которую рассчитывали, усредняя ДНК древнейших образцов, включая усть-ишимского человека с археологической датировкой 45 тысяч лет назад (с гаплогруппой К), мальчика из Мальты в Южной Сибири 24 тысячи лет назад (МА1, гаплогруппа R), образец из Костенок 38 тысяч лет назад (гаплогруппа С), а также несколько современных линий, включая китайскую Хан, Онге с

Андаманских островов, папуаса с Новой Гвинеи, и других, как представлено на картинке из статьи



и вычитая, как уже упоминалось, ДНК шимпанзе из зоопарка. Авторы сообщили, что статистика получилась негативная ($Z < -3.7$), правда, так и не пояснили значимость этого наблюдения, как и получившегося числа. Вывод из этой части – что «базальная евразийская предковость» была широко распространена по всему древнему Ближнему и Переднему Востоку, например, в мезолите Ирана её 66%, в неолите Ирана 48%, в Леванте, у натуфийцев 44%. Так показала программа qpAdm. Вот и вся аргументация. Славно, не так ли? Все вопросы к программе.

Переходя к рассуждениям о вкладе неандертальцев в «базальную евразийскую популяцию» (это то же самое, что «базальная евразийская линия»), расчеты и экстраполяции авторов привели их к выводу, что «базальная евразийская популяция» имеет меньший вклад неандертальцев, чем «небазальная евразийская популяция», и, видимо, вообще такого вклада не имеет. На основании этого авторы статьи заключают, что вклад неандертальцев в ДНК современных людей произошел уже после того, как «базальная евразийская линия» отделилась от последующих потомков, и этот вклад неандертальцев в потомков «базальной евразийской линии» произошел 50-60 тысяч лет назад. Я, признаться, не имею понятия, зачем этот «вклад неандертальцев» вообще надо было обсуждать, при всех мутных приближениях и экстраполяциях, когда речь в статье должна была идти

о «происхождении фермерства на Ближнем Востоке», как гласит название статьи. Или это надо понимать так, что неандертальцы не внесли никакого вклада в происхождение фермерства на Ближнем Востоке? Интересно, как сами авторы оценивают важность такого вывода? Надо отметить, что по всей статье и в приложениях авторы так и не упомянули прямым текстом, какой же (процентный) вклад неандертальцев там, где он, по мнению авторов, все же есть, и если провести соответствующую детективную работу, то оказывается, что это вклад составляет десятки доли процента, и полностью укладывается в погрешности расчетов у всех исследованных популяций от западной Евразии до Сибири. Тем не менее, авторы долго обсуждают, когда и где мог возникнуть этот «адмиксер», или примесь неандертальцев, и приходят к выводу, что в Африке этой примеси не было.

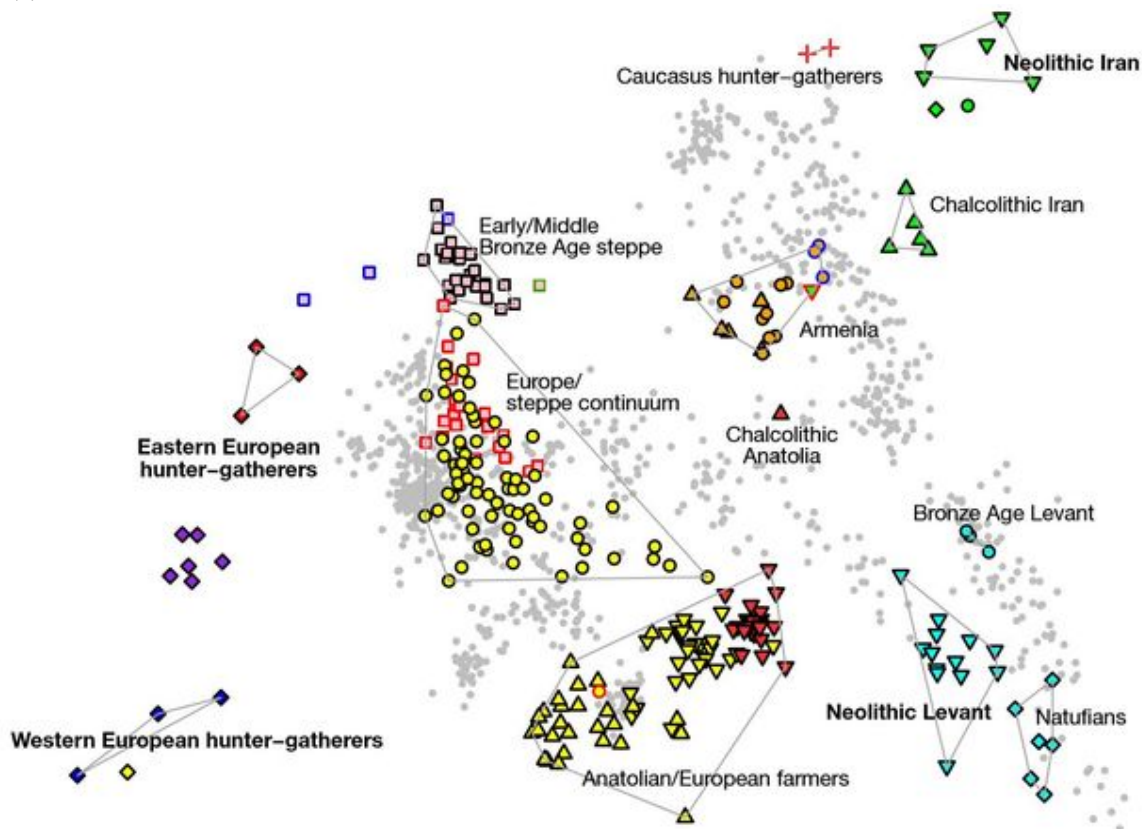
Заодно авторы постулируют, что гаплогруппа E возникла в Африке. Судя по всему, геномный анализ не показал авторам, что этот постулат откровенно неверен. Вместо этого они базируют свой постулат на том, что гаплогруппа E не обнаружена в древних западно-евразийцах. Вообще-то в древних западно-евразийцах много каких гаплогрупп не обнаружено, но это не значит, что все они произошли в Африке. Здесь у авторов идет определенная путаница – они, например, находят у натуфийцев краниометрические признаки африканцев и гаплогруппу E, и объясняют тем, что гаплогруппа E имеет африканское происхождение, и вслед за этим пишут, что геномные данные не показывают африканского происхождения натуфийцев. А современные данные по северо-африканцам, как пишут авторы, бесполезны в этом отношении, так как большинство северо-африканцев имеют евразийское происхождение. Вообще беда авторов в том, что они пытаются объяснить и прокомментировать массу разных «происхождений» на основании своих весьма шатких данных, признавая, что ответа не получается, и это всё кардинально засоряет текст статьи.

Что вытекает из данного раздела статьи? Да, в общем-то, ничего. Что древние «фермеры» Ближнего Востока от неандертальцев не произошли, и что примесей от последних там тоже не было. Славно. Наука на марше.

Следующий раздел – **«Крайняя дифференциация на древнем Ближнем Востоке»**. Последующие две диаграммы являются ключевыми в статье. Первая – это отражение печально известного «метода принципиальных компонент», который с давних пор применяется в популяционной генетике, и который переключался в «широкогеномные исследования», опять же вместе с попгенетиками. Суть его в том, что все многообразие снипов, сотни тысяч и миллионы, в геноме одного человека, редуцируется до одной точки, и эта точка растягивается в двух перпендикулярных направлениях. Куда попала, туда и попала. Это же

делают с множеством других точек, то есть редуцированными геномами по одному, но уже другому человеку. Когда точки оказываются рядом с другими, это вряд ли без причины, но их может и разбросать, и тоже какая-то причина есть, но, как правило, ни в том, ни в другом случае мы причин не знаем. Слишком много факторов там вовлечено. Надо сказать, что в этих точках могут быть одни и те же Y-гаплогруппы, могут быть и разные, но это могут быть и женщины, в которых Y-гаплогрупп нет.

Например, верхние два (красных) крестика на диаграмме ниже относятся к двум «кавказским охотникам-собираателям». Хотя эти слова повторены в статье с приложениями 28 раз, гаплогруппы ни разу не были приведены, они авторов статьи не интересуют. Можно только догадываться по ряду признаков, что это «грузинские» (по месту находки) гаплогруппы J и J2, с датировками соответственно 13300 и 9700 лет назад. Вот они и сидят рядом. А нашли бы другую гаплогруппу – эти две кавказские точки скорее всего разнесло бы в разные стороны. А может и нет, если другие сходные факторы будут превалировать. Ну, и что это тогда дает? Дает то, что в данном частном случае они оказались рядом.



Кстати, облака серых точек на диаграмме – это геномы современных людей. Получается, что у тех древних кавказцев аналогий среди наших

современников нет. Что это означает? Авторы статьи и не обсуждают. Что говорить, когда нечего говорить? Причины-то неизвестны.

Нет аналогий среди наших современников и у соседних геномов Ирана позднего каменного века. А также и халколитического Ирана. Как и у них между собой. В чем причина? Авторы не объясняют. Компьютер-то не сказал, а самим не с руки. Может, потому, что образцы иранского позднего неолита (7600-7800 лет назад) имеют гаплогруппу G2a (хотя определили только у одного образца), а у халколитических иранских образцов (6500-5500 лет назад) гаплогруппы J и G1a, и тоже не у всех определены. Вот они и расходятся.

Не имеют современных аналогов и древние геномы западно- и восточно-европейских охотников-собирателей. Авторы не пишут, почему, но возможно, потому, что те, древние западно-европейские охотники-собиратели (ЗЕОС) и их потомки были уничтожены вместе со всей «Старой Европой» при расселении эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, по Европе 4800-4000 лет назад (и позже), они же носители археологической культуры колоколовидных кубков. Но историки это пока не усвоили, а «широкогеномные» популяционные генетики что-то новое сказать боятся, вдруг их будут критиковать... Придется показывать, на основе какой методологии они делают свои выводы, а тогда критиковать их будут еще больше. Правда, среди тех ЗЕОС есть довольно странный образец R1b из Италии с археологической датировкой 14000 лет назад, и никто никогда не комментировал, как это он попал в Италию в те времена, да и вообще, насколько надежно то определение. Неудивительно, что потомков от него не обнаружено. Остальные из этой группы – неизвестно кто, в статье не описаны.

Трое восточно-европейских охотников-собирателей на диаграмме слева – это ямники, гаплогруппа R1b-M269-L23-Z2103, хотя в статье это не сообщается. Вообще, повторяю, не любят авторы статьи гаплогруппы и субклады, не говоря о гаплотипах. Странно, что статья показывает, что у них нет современных аналогов по геному. Носителей этой гаплогруппы и именно этих субкладов – миллионы человек в современной России (около 5% от всех мужчин страны), и огромное количество на Кавказе, в Турции, на Ближнем Востоке. Далее, еще одна странность (которых в статье более, чем достаточно) – сообщено, что образцы гаплогруппы R1b в Армении раннего бронзового века «не коррелируют со степной предковостью», «как другие R1b в Европе». Археологические датировки для армянских образцов R1b при этом дают 4492±29, 4005±35, 3990±35 лет назад. Один образец определен как R1b-L278, M415 (4492±29 лет назад), или как R1b1*, остальные не определены. На диаграмме выше эти образцы образуют кластер армянских R1b. В результате этого авторы приходят к выводу, что *«нет свидетельств продвижения степняков в Армению между 6400-5700 и 4600-4500 лет назад»*.

Это показывает, что в статье слишком много перепутано, вплоть до наоборот. Как раз «другие R1b в Европе» не могут «коррелировать со степной предковостью», так как степные ямники имеют субклад R1b-Z2103, которого в Европе очень мало, но который как раз является основным на Кавказе, в том числе выражен в Армении. Именно степные R1b шли на Кавказ, и в частности, в Армению, в указанный промежуток времени между 6400 и 4500 лет назад, основав там майкопскую культуру (5500-5000 лет назад). Вопрос – как «широкогеномные» популяции могли так всё перепутать? На это есть два ответа, связанные друг с другом – первый тот, что их ошибка была уже задана предыдущими взглядами и публикациями, которые ориентировали на переход R1b из ямной культуры именно на запад. Так предписывала М. Гимбутас в своих работах полувековой давности, так предписывал ее последователь Д. Энтони, который оказался в авторах «широкогеномной» статьи 2015 года (Haak и др., Nature), так геномные данные и повернули, следуя старым и неверным прописям. Они же, геномные данные, что дышло – как захотим, так и повернем, как показывает рассмотрение многочисленных «широкогеномных исследований» за последние годы. Второй ответ, тесно связанный с первым, вытекает из «методологии» расчетов, вот она в сжатом виде:

$$f_4(\text{Armenia_ChL}, \text{Armenia_EBA}; \text{Steppe_EMBA}, \text{Chimp}) = 0.00059 \quad (Z=2.3)$$
$$\text{compared to } f_4(\text{Europe_MNChL}, \text{Europe_LNBA}; \text{Steppe_EMBA}, \text{Chimp}) = -0.00322 \quad (Z=-25.1).$$

Если попросту – это жонглирование плохо определенными массивами данных с сотнями тысяч чисел, в которые входят и халколит геномов Армении, и ранний бронзовый век геномов Армении, и ранний-средний бронзовый век степных геномов, из этого всего вычитается геном шимпанзе из зоопарка, и все это «сравнивается» с другим плохо определенным массивом из сотен тысяч чисел, в которые входят геномы халколита Европы, среднего неолита – халколита Европы, позднего неолита – бронзового века Европы, опять же раннего-среднего бронзового века степных геномов, и из всего этого опять же вычитается геном шимпанзе из зоопарка. Это жонглирование доведено «широкогеномными» популяциями до полной потери здравого смысла, при котором к тому же полностью потеряно ощущение того, что такое жонглирование в науке непозволительно, это какое-то шаманство, или гадание на кофейной гуще, или как хотите, так и называйте. Все равно получится полное безобразие. Главный, основополагающий принцип такой – неважно, что получится, ответ мы все равно знаем, а если не знаем, то смастерим. При этом, когда ответ авторам заранее известен, то он, ясное дело, и получится, а когда ответ заранее неизвестен, то получится ерунда, но которую можно напористо выдать за науку. Например, что гаплогруппа R1b из ямной культуры продвинулась на запад, в Европу, а вот на Кавказ, в Армению она не

продвигались. Откуда она там появилась, авторы статьи не обсуждают, пишут, что это «надо изучать». Да уж, такими методами любое «изучение» безнадежно.

Уже понятно, что обсуждать материалы статьи – это только переходить от одних их ошибок к другим, от одних вязких представлений к другим, от одних примитивных «рассуждений» к другим. Хорошую науку придумали себе «широкогеномные» попгенетики – проверить ничего невозможно, можно только за руку ловить, если ответ уже известен, но они исходят из того, что ответ никому не известен. Поэтому столь беззастенчиво блефуют.

Но все-таки продолжим. Уж очень блеф авторов показателен. Они пишут, что *«кавказские охотники-собиратели образуют кластер с иранским неолитом»*, понятно, что речь о геноме. Видно, что кластера там никакого нет, но авторы далее поправляются – *«но кластер кавказцев сдвинут к Европе»*. Где он там «сдвинут к Европе», остается только гадать. И далее – *«некоторая статистика может быть интерпретирована так, что поток генов в Европу ассоциируется с миграцией ямников, которые включали и кавказский компонент, и кавказские охотники-собиратели могли быть представителями этого»*. Здесь что ни слово, то блеф. Не было миграции ямников в Европу, не представляли ямники «кавказский компонент», это авторы придумали в предыдущей статье, что якобы ямники были продуктом миграции с Кавказа. Это опять было придумано на основании ложной посылки, что раз на Кавказе R1b, и в ямной культуре R1b, то это означает, что R1b с Кавказа передвинулись и основали ямную культуру. Почем-то авторам не пришло в голову, что все было наоборот, а именно что ямники (или их предки той же гаплогруппы и субклада) мигрировали на Кавказ, и через Кавказ в Месопотамию. А в голову авторам не пришло по простой причине – они уже были в плену другой ложной посылки, что ямники ушли на запад, в Европу. А раз ушли в Европу, на запад, то на Кавказ уйти не могли, это оттуда, с Кавказа, пришли. Ну просто детский сад. А делают вид, что это им геном показал. Ничего им геном не показывает, это они просто прикидываются. На геном они и внимания не обращают, потому что прекрасно знают, какая этим данным цена.

Ну что можно сказать в отношении сентенций, что *«мы внесли поправку в наши обсуждения после публикации данных, что американские индейцы были смесью сибиряков верхнего палеолита, восточных неафриканцев, западно-европейских охотников-собираателей из Люксембурга и Иберии...»*. Представляете? Американские индейцы произошли, пусть отчасти, от западноевропейцев из Люксембурга... Откуда такие безумные «концепции»? Западные европейцы из Люксембурга мало того, что имели гаплогруппу I, они датируются примерно 7000 лет назад, когда американские индейцы (гаплогруппы Q в основном, и малая доля гаплогруппы C) уже много тысяч лет расселялись по своему континенту.

Откуда это? Да потому что «геном похож». А похож он потому, что все гаплогруппы, в том числе I и Q, образовались от одних общих предков гаплогруппы BT, которые жили примерно 64 тысяч лет назад. Поэтому и I, и Q, в своих Y- хромосомах содержат сходные фрагменты полинуклеотидов. Да в геномах американских индейцев что угодно можно найти, как и в геномах носителей любой гаплогруппы, вопрос только в пропорциях.

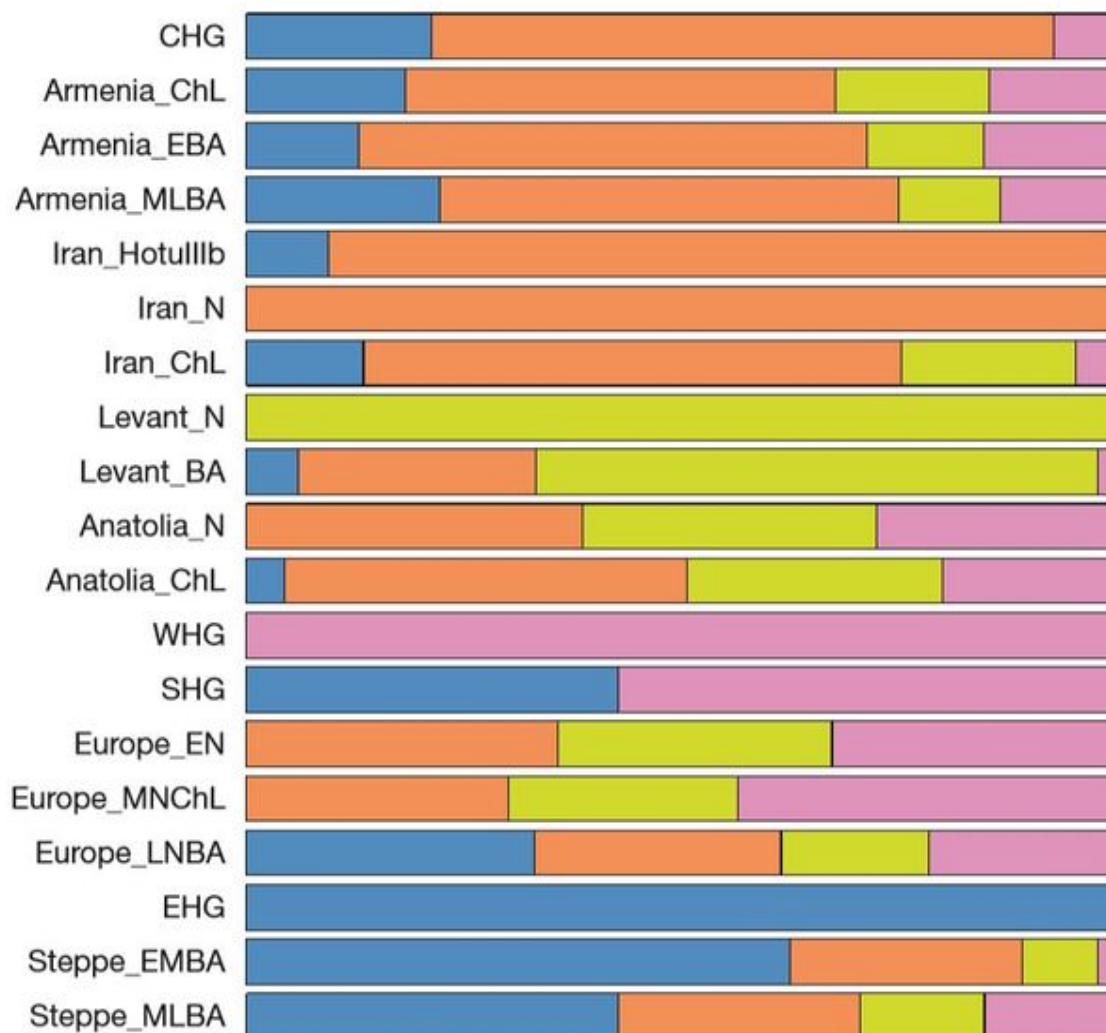
Упомянем о натуфийцах. Это – древняя археологическая культура, датируемая между 14500 и 11500 лет назад. Авторы статьи нашли, что древние натуфийцы имели гаплогруппы E1b (трое из пяти образцов) и CT (остальные двое). Это – полезная информация. В остальном – слово Natufians упоминается в тексте и в приложениях к статье 150 раз, но почти всегда без связи с историей. Пожалуй, единственная информация к этому слову та, что при формальном сопоставлении геномов натуфийцев и неолитических анатолийцев получается, что неолитические левантийцы образованы из них в соотношении 33.3% и 66.7%, соответственно. Я, признаться, не знаю, в чем ценность подобной информации и кому она вообще может быть нужна, особенно понимая, как эти данные получены и какой смысл в этих показателях.

В этом же разделе выдвинуто еще одно ключевое положение методологии авторов статьи. Они сообщили, что диаграмму выше можно рассматривать как четырехугольник, в углах которого находятся древние образцы из (1) западных охотников-собирателей, (2) восточных охотников-собирателей, (3) неолитических левантийцев и натуфийцев, и (4) неолитических иранцев, и всех остальных можно рассматривать как наложение всех четырех компонент.

Следующий раздел озаглавлен «**Непрерывность между охотниками-собирателями и ранними фермерами**». Здесь авторы сообщают, что поскольку левантийские охотники-собиратели (натуфийцы) кластеризуются с левантийскими же фермерами, а иранские и кавказские охотники-собиратели кластеризуются с иранскими фермерами, то переход между ними в указанных парах был непрерывным. Гаплогруппы здесь опять и не упоминаются, авторы, видимо, не знают, что именно гаплогруппы дают запрет на наследственные переходы, если они относятся к разным гаплогруппам. Но у авторов еще женские геномы накладываются на мужские и на те самые их гаплогруппы, а там уже что угодно можно получить, и тем более «интерпретировать».

Следующий раздел – «**Примесность (адмикчер) на древнем Ближнем Востоке**». Здесь был использован принцип расчета «примесности» по

наложению четырех компонент, перечисленных несколькими строками выше. Вот что из этого получилось:



Мы видим, что четыре полосы здесь одноцветные, сплошные – это Iran_N, то есть неолитический Иран; Levant_N, то есть неолитический Левант; WHG, то есть западные (европейские) охотники-собиратели; и EHG, восточные (то есть восточно-европейские) охотники-собиратели, то есть ямники Самарской области и Калмыкии, в основном гаплогруппы R1b-L23-Z2103. Никто из них, конечно, однородным не был, это просто приближение, для простоты, их просто принудительно назначили быть «однородными». Искать смысл в этих трех- или четырехцветных полосах не приходится, это уже приближения от приближений. Но авторы умудряются и из этого делать некие «выводы». Например, Steppe-EMBA, «степь в раннем-среднем бронзовом веке», содержит четыре компонента (они, конечно, рассчитываются в процентах, но мы на этот уровень профанации опускаться не будем) – основной от ямников, второй по значимости – от Ирана неолита, немного от Леванта неолита, и совсем

чуть-чуть от западноевропейских охотников-собирателей. Так показывает компьютер. Кто такие из Ирана времен неолита пошли в степь на север, и попали к ямникам – может, какие древние лулубеи, касситы, гутии, хурриты, эламиты? Это, конечно, было бы новое слово в истории древнего мира, но компьютер это умалчивает, видимо, по причине наличия совести. Но это уже открытым текстом говорят авторы статьи – уже в Абстракт статьи вынесено *«фермеры из Ирана распространились на север в Евразийские степи»*. Представляете?

И какие же гаплогруппы имели те фермеры из Ирана, что их в степях не найти, и что и как эти фермеры-мигранты там, в степях, фермерствовали? Авторы идут дальше, и сообщают – «люди халколитического Ирана принесли 43% предковости степным популяциям раннего бронзового века». Надо напомнить, что «халколитический Иран» – это 6500-5500 лет назад, как раз времена прибытия хвалынцев (7500-6000 лет назад) и ямников (5600-4300 лет назад) в степях, только у ископаемых образцов тех или других гаплогрупп J и G1a, найденных у халколитических иранцев, не найдено. А тут – 43% (!). И авторы далее сообщают – *«распространение передневосточной предковости в евразийские степи было недавно предложено и без ископаемых образцов, на основании изучения современных армян»*. Представляете, опять? Изучали армян, решили, что армяне продвинулись в евразийские степи, к ямникам в Самарскую область или в Калмыкию, и вот теперь геном подтверждает! Только там было все наоборот, в который раз. Субклад у ямников, R1b-L23-Z2103, продвинулся на юг, на Кавказ, к предкам армян, и сейчас у армян не менее трети мужского населения имеет этот субклад древних ямников. А отсюда, с Кавказа, этот субклад ушел на Ближний Восток. То есть и здесь «широкогеномные» популяционеры умудрились получить всё с точностью до наоборот, включая и направление миграции. Не нашли в халколитическом Иране этого субклада, не мог от из Ирана к ямникам и хвалынцам попасть, он пришел к последним со стороны Урала и Сибири.

Мы опять видим, какая цена этим разноцветным (и одноцветным) полосам на диаграмме выше. Так можно было бы и все примеры там разбирать, только итог тот же самый – там сплошная путаница, неверные результаты, неверные послышки, неверные данные. Например, верхняя полоса, кавказские охотники-собиратели (CHG). Те образцы, как известно, имели гаплогруппы J и J2, датировки 13300 и 9700 лет назад. Ну откуда у них появится «синий компонент», от ямников? Ямников тогда еще на Кавказе не было, не подошли, они были в те времена где-то в Северном Казахстане. Откуда у них компонент «иранского неолита», когда они намного древнее? Может, потому, что геном шимпанзе из зоопарка вычитали? Может, потому же у них сиреневый компонент «западно-европейских охотников-собирателей»? И вот так – за что ни

возьмись. Как может в такой ситуации вообще быть хоть какое-то доверие «широкогеномным» данным, и тем более их интерпретациям авторами статьи?

В общем, да и в частности, надо заканчивать. Это – не наука, это профанация. Более полусотни авторов, статья в Nature, рецензентов, надо полагать не было, во всяком случае тех, кто статью внимательно бы прочитал. Проштамповали, и всё. Если под занавес заглянуть в раздел «Заключение», то что мы там увидим? Увидим слова, что статья – это *«первый взгляд на демографическую структуру популяций в переходе к фермерству»*. Можно было бы перевести «в переходе к сельскому хозяйству», но там другое, не agriculture, там farming. Авторы придают этому слову особый смысл, в некотором роде сакральный. В попгенетике, как уже указывалось, фермеры – это те, кто жили 7000 лет назад и менее, фермерство – это система датировок, не просто так. Дальше мы увидим, что *«мы отвергаем гипотезу, что происходило замещение охотников-собираателей фермерами, при их взаимодействии»*. Это расшифровывается – *«потому что распространение идей и технологии фермерства происходило быстрее, чем распространение людей»*. Этого в данных статьи и в ДНК, конечно, не было, геном распространение идей и технологий не показывает. Но авторы уже привыкли, что получаемые ими данные никому по сути не нужны, кроме как им самим использовать их как подтверждение своих концепций. Решили, что иранцы продвигались на север – вот и геном якобы подтвердил. Решили, что потомки «мальчика из Мальты» породили американских индейцев – вот и геном подтверждает, похож у тех и других. Решили, что армяне внесли вклад в ямную культуру – вот и геном подтвердил. Решили, что ямники принесли индоевропейские языки в Европу, вот и геном послушно о том же. Решили, что ямники (гаплогруппа R1b) создали культуру шнуровой керамики (R1a) – геном согласен. Вот и здесь – решили, что идеи распространяются быстрее людей, что логично, и часто наблюдается, вот и геном вроде как подтвердил, или так будем считать. Кого геном в самом деле интересует, когда ясно, что данные – в основном блеф, главное – выводы, не так ли? Выводы тоже опережают геномные данные, что замечательно, такова новая наука.

Вот, собственно, и все выводы статьи, там вообще для выводов один абзац. Остальное в этом абзаце – планы на будущие исследования, чего в выводы помещать не принято. А что делать – выводов-то на самом деле нет, есть неуверенные и вязкие рассуждения. А что сформулировали в тексте как результаты – в выводы помещать как-то неудобно, ведь блеф же, пусть лучше в тексте упрятано. Наука такая, широкогеномная, а по сути – обычная попгенетика в ее худшем виде.

ДИСКУССИЯ по статье

И. Рожанский говорит:

Позволю себе несколько комментариев и уточнений.

1) О вкладе “фермеров-собирателей” и генома неандертальца. Вот весьма показательный пример, насколько аккуратно работают подобные алгоритмы. Почти модельный случай – это калькулятор, разработанный Д. Макдональдом для оценки вкладов древних европейских геномов у заказчиков Family Finder. В качестве компонент разложения в нем используются геномы европейцев с 10 археологических сайтов, отнесенных к культурам мезолита (Испания, Швеция, Люксембург), раннего неолита (Германия – 2 сайта, Венгрия, Италия) и ранней бронзы (Россия, Венгрия, Германия). В согласии с привычной у популяристов терминологией (позаимствованной у англоязычной школы археологии) они именуется охотникам-собираателями, фермерами и захватчиками века металла (Metal Age Invaders). Все остальные компоненты вынесены за скобки и собраны в сводной графе “не европейцы”. Как мы видим, расчет максимально упрощен, и, в принципе, не должен обладать свойством “восковой пластичности”, которым страдают программы И. Лазаридиса. Сравним теперь 2 гаплотипа, для которых было получено такое разложение.

Гаплотип 1: “захватчики” – 15%, “фермеры” – 38%, “охотники-собиратели” – 47%

Гаплотип 2: “захватчики” – 13%, “фермеры” – 38%, “охотники-собиратели” – 50%

Неевропейской компоненты обнаружено не было. То есть пример почти идеальный, без не поддающихся учету примесей. Что можно сказать об этом результате помимо того, что при округлении компонент их сумма во втором гаплотипе получилась не 100, а 101%? Если сравнить с диаграммами в программе ADMIXTURE, то 2-3% расхождения в этих геномах вполне может послужить основой для далеко идущих выводов о древней истории, не говоря уж о том, что они сопоставимы с широко разрекламированным вкладом генома неандертальцев.

А теперь самое главное – эти гаплотипы принадлежат родным сестрам. Поскольку у них все компоненты должны совпадать по определению, то полученную разницу следует трактовать как стандартную погрешность метода, причем в почти идеальном случае. В палеогенетике приходится работать с материалом, далеким от идеала, а потому коридор погрешностей следует расширить до того, что него “проваливаются” все гены неандертальцев и прочих древних людей. Можно, разумеется, оспорить вывод о погрешностях, сославшись, что в примере был задействован неправильный алгоритм. Но немедленно возникает встречный вопрос – а каким образом можно проверить, какой алгоритм правильный? Насколько понимаю, ответа на этот вопрос не существует,

иначе в Сети не существовало бы десятка полтора аналогичных калькуляторов на любой вкус и цвет.

2) Про шимпанзе из зоопарка. Ни для кого не секрет, что приматы – это более древние виды, чем *Homo Sapiens Sapiens*. Потому следует ожидать, что геномы особей шимпанзе, взятых из разных мест, будут отличаться друг от друга намного сильнее в сравнении с людьми, даже из самых далеко отстоящих популяций. Этому есть косвенное подтверждение из ДНК-генеалогии. В нашей статье в *Advances in Anthropology* одним из авторов (Л.Е. Рябченко) был реконструирован 16-маркерный Y-хромосомный гаплотип шимпанзе из генома, хранящегося в европейской генетической базе данных. Независимо от этой работы Т. Кран (в то время сотрудник FTDNA) опубликовал гаплотип другой особи в другом формате. При их сравнении оказалось, что на общих 7 маркерах в медленной панели они расходятся на 7 мутаций, что сопоставимо с дистанцией между гаплогруппами A00 и B1 у современных людей. Очевидно, их геномы различаются в не меньшей степени. Возникает вопрос – сколько особей шимпанзе, горилл и других приматов использовали популяционисты для того, чтобы отсеять из человеческого генома снипы, унаследованные от общих с ними предков? Если они исчисляются единицами, то это даст очень большую долю неучтенных снипов, что встречаются в данном биологическом виде, но отсутствуют у конкретной особи. Для компенсации “темной материи” необходимо вводить дополнительные параметры в модель, а это, в лучшем случае, добавить ей “пластичности”. В худшем – приведет к неверифицируемым результатам.

3) О “китайской линии Хан”. По принятой в русской литературе системе транслитерации Палладия последнее слово записывается как “хань”. Это не что иное, как первая часть самоназвания китайцев (漢族 – ханьцзу), принятая также в научной литературе, чтобы не возникало путаницы между названием государства и этнической принадлежностью его жителей. Иероглиф “хань” в этом слове совпадает с названием древней династии Хань. Дело здесь не в каком-то особом к ней почтении, а в том, что во время ее правления была унифицирована иероглифическая письменность, получившая название “ханьцзы” (漢字) – ханьские знаки. То есть, самоназвание “народ Хань” точнее всего перевести как “народ письма”, что абсолютно соответствует роли, которую играет письменность в самоидентификации этого разноязычного народа. Загадочная “линия Хан” – это просто китайцы. Поскольку разные их группы довольно сильно различаются по фенотипу и геномам, то популяционисты, как правило, уточняют, что референсный геном принадлежит анонимному китайцу из Пекина (Han from Beijing).

4) При вклад генома индейцев в Европе. В этой истории есть еще одна деталь, о которой стараются не упоминать. Когда референсная база для

расчетов в ADMIXTURE была еще невелика, то у многих европейцев, особенно с Британских Островов, неожиданно оказались необычно высокие, вплоть до 10%, вклады коренных жителей Америки. Спустя какое-то время эти проценты у тех же самых лиц таинственно исчезли, и все калькуляторы давали им чисто европейское происхождение. Никто внятно это не пытался объяснить, как будто всегда так было. Очевидно, дело тут не в общем происхождении от гаплогруппы R (иначе ничего бы в расчете не менялось), а в том, что в Северной Америке практически не осталось чистокровных индейцев. Все они метисированы в той или иной степени. Когда в качестве образца для сравнения взяли усредненный геном (фактически) метиса из индейской резервации, то его западноевропейские снипы и “аукнулись” на своей родине. Когда набралось больше материала, то эту постороннюю компоненту научились отсеивать, и все стало на свои места. Однако открытым текстом никто этого не признал, также как и с ошибочностью “эволюционных скоростей”.

Анатолий А. Клёсов говорит:

Согласен со всеми четырьмя комментариями Игоря Львовича, но некоторые стоит несколько развить. По первому комментарию следует заметить, что геномы двух сестёр практически идентичны (в контексте данного рассмотрения), поэтому вместо термина «аккуратность» (расчётов) лучше использовать «воспроизводимость». И что мы видим? При повторном расчёте (для второй сестры) при том же геноме видим расхождение на 2-3%, то есть на 60-100 миллионов нуклеотидов (пар оснований) для всего генома. И это для двух сестёр!

И это пока о воспроизводимости, не об аккуратности, то есть точности. Разница большая – если двое скажут, что дважды два – пять, то это воспроизводимость, но не аккуратность. Именно потому то, что у двух сестёр в приведённом примере почти совпали проценты, это может оказаться дважды два пять. А вот какие там на самом деле проценты, покажет не повтор расчёта, а независимая, перекрестная проверка, которой у «широкогеномных» нет. В общем случае это могли бы быть гаплогруппы и гаплотипы, но «широкогеномные» от этого уклоняются. Это вносит системные ошибки в их представления, причём эти ошибки разные в разных случаях.

Пример с «линией Хань» наглядный. Конечно, «геном китайцев» это звучит сильно. Кто был в Китае, знает, что там огромное разнообразие типажей на любой улице.

Что касается шимпанзе из зоопарка – это фундаментальная, системная проблема у «широкогеномных». Отсеять что-то путное там практически невозможно. Шимпанзе – не предок человека, это удаленная боковая линия эволюции.

Про «индейскую компоненту» у европейцев (13% у этнических русских, например) никто не отменял. Последняя работа на этот счёт была относительно недавно, и Диенекес её активно пропагандировал на своём сайте.

И. Рожанский говорит:

>> среди тех ЗЕОС есть довольно странный образец R1b из Италии с археологической датировкой 14000 лет назад, и никто никогда не комментировал, как это он попал в Италию в те времена, да и вообще, насколько надёжно то определение. Неудивительно, что потомков от него не обнаружено.

Строго говоря, люди из R1b того же таксономического уровня (M278 > L754 > L389) в Европе есть, но их чрезвычайно мало, меньше даже, чем представителей реликтовой европейской ветви C1-V20. На проекте [R1b Basal subclades](#) они занесены в категории _с. [Probable L389+], _с. R1b-M343, M278 > L754 > L389 и _с1. R1b-M343, M278 > L754 > L389 > CTS9995. Среди прочих, там есть 2 итальянца, фамильная группа пуэрториканцев и небольшая ашкеназийская линия. Имеют ли они прямое отношение к тому древнему “итальянцу”, неизвестно. Слишком давно он жил, и практически все нисходящие снипы современных людей из этой категории (BigY делали белорусский еврей N16605 и итальянец 46835) у него должны быть в минусе. Мито-гаплогруппа у того человека из Италии самая что ни на есть древнеевропейская – U5, так что он вряд ли чем-то выделялся среди своих соплеменников из других Y-гаплогрупп. Как показывает статистика, для эгалитарных сообществ времен мезолита и раннего неолита полигаплогруппность по Y-хромосоме – это, скорее, правило, а не исключение.

Относительно появления людей из других ветвей R1b в Европе есть очень интересная информация по Елшанской культуре, что существовала на территории Самарской области 9000-7000 лет назад. Она знаменита тем, что считается самой старой керамической культурой Европы. В отечественной классификации ее на основании этого признака относят к раннему неолиту. В англоязычной – к мезолиту/охотникам-собирателям, поскольку хозяйственный уклад, который берется за основу последней классификации, был у них чисто присваивающим – в основном, рыболовство и охота на сайгаков и диких лошадей.

В ходе работы по исследованию ДНК из ямной культуры проанализировали более ранний образец из тех же мест с датировкой 5650-5555 до н.э. В статье В. Хаака с соавторами 2015 г. он зарегистрирован под номером I0124. Его археологический контекст не сообщается (случайная находка?), но по датировке это либо елшанская, либо наследовавшая ей средневожская культура. У этого человека

идентифицировали рано отошедшую ветвь субклада R1b-M73 и мито-гаплогруппу U5a1d. Вместе с двумя “карелами” с Южного Оленьего острова (Y R1a1 – мито C1g и Y J – мито U4a) он входит в тройку Eastern European hunter-gatherers на графике с разложением по принципиальным компонентам (“ямники” – это Steppe_EMBA в терминологии авторов статьи).

Главная отличительная черта елшанской культуры, среди носителей которой были, очевидно, люди из гаплогруппы R1b – это ее керамика, первая в Европе, как уже говорилось выше, и синхронная с самой ранней керамикой Ближнего Востока. Посуду изготавливали не из глины, а из богатого органикой глинистого ила, что позволяло добиться прочности сосудов при сравнительно низкой температуре обжига. За пределами Среднего Поволжья такая технология в то время существовала только в Приаралье, в бассейнах Сырдарьи и Амударьи. Среди специалистов нет единого мнения, принесли ли выходцы из Средней Азии это умение с собой или имела место культурная диффузия. Вот ссылка на [краткий обзор по этому вопросу](#).

Поскольку Средняя Азия, по-видимому, является родиной субклада R1b-M73 (там больше всего носителей, причем представлены практически все его ветви), то его след в Поволжье работает в пользу миграции. Более того, недавно та же гаплогруппа R1b-M73 была обнаружена у живших примерно тогда же на территории Латвии людей из нарвской культуры, относимой западными археологами к мезолиту, но широко использовавшей керамику. Судя по местным европейским мито-гаплогруппам у всех охарактеризованных образцов, люди из той первой волны довольно рано смешались с местным населением. Если это так, то предки человека с Y-гаплогруппой J (а может быть, и R1a) из Карелии могли прийти туда тем же самым путем, и не иметь прямого отношения к Кавказу или Балканам. Люди в ту эпоху были очень мобильны, поскольку уже освоили водные пути, которыми изобилует Русская равнина.

У появившихся в Поволжье двумя тысячелетиями спустя “ямников” из родственного субклада R1b-M269 женщины уже в основном были свои. К древнеевропейским гаплогруппам U5, U4 и U2 принадлежит только 1/4 (10 из 40) известных образцов, как мужчин, так и женщин. Исходным районом их миграции могла быть все та же Средняя Азия, но ее характер был уже совсем другим, равно как и социальная структура тех людей. Средняя Азия (в широком смысле, с зоной степей к северу от нее) во всей этой истории должна была играть ключевую роль, поскольку она оказывается естественным передаточным звеном в обмене достижений первых цивилизаций Ближнего Востока (злаки семейства пшеницы, крупный и мелкий рогатый скот, металлургия) и Восточной Азии (керамика, просо, собаки, куры).

Ксения говорит:

Игорь Львович, в статье про мезолитчиков Прибалтики есть R1b, только не понятно про субклады. Подскажите пожалуйста – про что там вообще? ([ссылка 1](#), [ссылка 2](#))

И. Рожанский говорит:

Субклад этих образцов определил исследователь из Германии, публикующийся под ником Genetiker. Он проанализировал исходные файлы с геномами и разместил результаты [на своем блоге](#). Его выводы были подтверждены другими специалистами, владеющими навыками работы с такими файлами. Там же есть информация и об образцах, для которых авторы оригинальной статьи не смогли установить Y-гаплогруппы. В частности, человек, живший в районе днепровских порогов около 6300 лет назад (Ukraine_N1, Днепро-Донецкая культура) оказался из гаплогруппы R1a-M459*.

На вопрос про “вообще” подробно ответил А.А. Клёсов в этой статье. Все ее выводы полностью применимы и данной работе.

Ксения говорит:

Спасибо за ответ. То есть можно прогнозировать среднестоговскую культуру как R1a1?

Геннадий говорит:

А мезолитчик, у которого Генетикер определил Y-хромосомную гаплогруппу I2a2a-P220, это кукрекская культура?

В.Юрковец говорит:

Прочитал. Титаническая работа. Подвиг Геракла. Разгрести авгиевы конюшни попугенетики от вязких наукообразных отходов, наваленных там более чем полусотней его производителей, дано далеко не каждому. Поздравляю с успешным завершением этого нелёгкого “мероприятия”.

Тарас Н говорит:

После недавних публикаций, я решил поближе присмотреться к т.н. попугенетике и ДНК-генеалогии, перепроверить некоторые общие места, критику и т.д. Я в общем не сильно впечатлителен, но скажу честно – от прочитанного просто ороговел. Ту ахинею, что несут попугенетики, та наглая ложь, инсинуации, передергивание, весь тот лютый бред, вся та мерзость от Балановского-дитя... Это не то, что ненаучно, это просто гнусно! Нет, я конечно не романтик и прекрасно знаю, что реальная

наука далека от того идеала, которым она себя мнит. Я, конечно, понимаю, что российская наука несет в себе возрастные болезни, унаследованные из (скажем в общем) 90-х. Но почему все это проходит рецензирование в солидных журналах? Ну да, знаю, что публикуют не хорошие работы, а хорошо цитируемые. Но предел же должен быть! Наука создала в себе систему по проверке и перепроверке, по предотвращению и искоренению, но создается впечатление, что клановость и мафиозность прекрасно обходят эти механизмы контроля. Немного не по теме вышло. И сумбурно. Но зло берет, на этот шабаш глядя.

В.Юрковец говорит:

Клановость и мафиозность ещё полбеда. Куда страшней то, что Балановские и компания вооружили нацистов на Украине и русофобов во всём мире погнетическим оружием, сначала сделав из Украины «изолированный погнетический остров», [ссылка](#), а затем выдав с помощью подлога за «стандартный русский геном» тот, который получили у жителя на границе с Финляндией, и тот, который получили у жителя Средней Азии. Налицо целенаправленные действия, разве кто-нибудь скажет, что они всё это сделали случайно?

Тарас Н говорит:

Вот был такой ученый-микробиолог, Берджи. В 20-х годах 20-го века он опубликовал свой справочник по систематике бактерий. Систематика эта была основана на фенотипических признаках (морфология + биохимические тесты). До конца 70-х годов это была лучшая (точнее, единственная) из принятых классификаций; а в конце 70-х годов группа ученых под руководством Карла (если не ошибаюсь) Вёзе (Woese) прочитала гены, кодирующие рибосомальные РНК и на основании этих сиквенсов построила филогенетическое дерево бактерий. Такой подход оказался не больше, не меньше, как революцией в филогении, причем классификацию Берджи он фактически отменил. Чего стоила только новая филогения микоплазм! И ничего, научный мир это принял, несмотря на то, что пришлось полностью перестраивать всю концепцию. Наперегонки бежали! Потому, что фенотипические признаки есть признаки переменные (для бактерий, по меньшей мере), а генетические признаки – гораздо более консервативны. При том, что филогения, например, грибов и некоторых прочих эукариот базируется на анализе межгенных, некодирующих участков ДНК (например, ITS регионы между рРНК генами потому, что сами гены, кодирующие рибосомальные РНК у эукариот, оказались очень консервативными и “разрешающая” способность их оказалась недостаточной для анализа) – прямая аналогия с анализом гаплогрупп Y хромосомы человека. Полногеномное сиквенирование филогению, основанную на анализе рибосомальных (точнее 16S rRNA генов) не отменило, но подтвердило.

Оказалось, что не нужно сиквенировать весь геном, чтобы изучить филогению бактерии. Геномное сиквенирование можно и нужно использовать для анализа других особенностей. Далее, в микробиологии тоже существуют попытки проследить эволюцию и возникновение тех или иных групп бактерий. Проблема, конечно, в датировках и калибровке частоты мутаций, что сопряжено с многими трудностями. В отличие от бактерий, эти же параметры у человека поддаются гораздо более четкому и достоверному контролю хотя бы потому, что люди не впадают в анабиоз на дни-недели-месяцы-годы, метаболизм их постоянен, как постоянна температура тела и т.д. Т.е. ДНК-генеалогия использует ровно те же методы, что и другие разделы биологии, подходы эти научны, опробированы и широко используются. Результаты можно и нужно обсуждать – так давайте обсуждать результаты, в чем же дело?

А далее наступает то, что вызывает у меня полное изумление: так называемое научное сообщество отвергает результаты ДНК генеалогии, отвергает инструментарий ДНК генеалогии. Оно, так называемое научное сообщество, не хочет в этом разбираться. Вообще. От слова совсем. Вместо этого начинаются какие-то инсинуации, бредовые обвинения непоймивчем, какой-то Адъ, Чадъ и Угаръ. Клёсов снялся в фильме Задорнова! У Задорнова! Ахаха! Сирьозные учоны так не поступают! Сирьозные учоны публикуются в ВАКовских журналах и чистят себя под светилами попгенетики. Да ладно эти... (Я вот недавно имел сомнительное удовольствие ознакомиться с выс... с выводами Балановского-дитя (с) и понял, что не согласен с его оценкой Анатолием Алексеевичем, считаю, что он ему польстил, когда назвал его лаборантом. Он не лаборант. Он студент-первокурсник, который еще ничего не умеет практически и не знает теоретически. Готов обосновать, будя потребуется). Ладно либеральная интеллигенция, которая презирает и ненавидит (напомню, что эта ненависть и презрение к России, русскому, она не вчера началась – это есть т.н. “мэйнстрим”, отличительная особенность либерального интеллигента, отличающая его от “быдла”). Но ведь есть масса людей, которые считают себя патриотами России – почему они не хотят в этом разбираться? Ведь результаты ДНК генеалогии объективны, независимы от горшков, топоров и прочего наносного культур-мультикультурного слоя? Но не хотят. Ровно те же самые смешки, подхикивания. “Гиперборея” – уахаха, смишно! Арии – “да вы, батенька, фашист!”, “Геродот написал о славянах в 5 веке, до этого не было никаких славян” (а в каком веке славяне написали о Геродоте?), “Синташтинская культура произошла от ямной потому, что они похожи”. Вот недавно посмотрел очередную программу “Ученые против мифов” про Аркаим. Автор прям так и заявил, что они проанализировали “миграцию геномов” (с) (на 12-й минуте). Да, прям так и сказал. Представляете? Геномы вышли из организмов и начали мигрировать, смешиваясь с местным населением. А

потом вернулись из центральной Европы в район Синташты. Где, видимо, и организовали одноименную культуру. Геномы. Ага. И все это под вывеской “Ученые против мифов”. Ученые? Против мифов? Ребята, вы это серьёзно?

А статью, на которую он ссылается, я нашел: Population genomics of Bronze Age Eurasia. (2015) Nature 522, 167–172. doi:10.1038/nature14507 К сожалению, доступа к тексту статьи у меня нет, было бы интересно, если бы Анатолий Алексеевич или Игорь Львович смогли бы её прокомментировать.

Как вы видите, эти самые “целенаправленные действия” не исходят от одних только балановских и им подобных, они имеют широкое распространение и в т.н. патриотических кругах. Почему-то микробиологи перестроились, а историки-лингвисты не хотят (про поппенетиков вообще молчу, там кажется все уже бесполезно). И это странно, ведь данные ДНК генеалогии все равно пробьют себе дорогу (как вы эту дисциплину не называйте, это непринципиально) и тот, кто раньше встанет, тот и будет ходить в тапках. Нет. Не хотят. Одним идеологическим зарядом это не объяснить, здесь что-то другое.

В.Юрковец говорит:

Именно что другое, уважаемый Тарас Н. Уходящее далеко и глубоко. Если хозяева данного ресурса не против, дам ссылку на неожиданно (для меня) открывшиеся обстоятельства травли Лысенко вейсманистами-морганистами, открывшими “генетические шарики” в семенной жидкости, за собственный провал в генетике, [ссылка](#).

Тарас Н говорит:

Уважаемый В. Юрковец, не дайте себя одурачить, ищите и читайте первоисточники или хотя бы добросовестное цитирование. Ваша ссылка и информация по ней не соответствует необходимым требованиям. Лысенко не есть самородок, которого травили некие вейсманисты-морганисты. У него все было хорошо до самой смерти, в отличие от его “гонителей”. Генетическая теория наследственности оказалась верна. Лысенковская точка зрения на генетическую теорию – ошибочна. Более того, лысенковцы так и не смогли сколь было внятно сформулировать свой механизм наследственности. Лысенко не отрицал гены, хромосомы. Сложно отрицать факты, и он их не отрицал. Он отрицал связь между генотипом и фенотипом. Разговоры про независимые генетические шарики вырваны из контекста. Определение размера гена было важным открытием, подтверждающим существование гена как материального признака. Основная проблема была в выяснении механизма наследственности – как информация записана в хромосоме, в ДНК и как это все работает в клетке. Вот там были самые невероятные теории.

Найдите, почитайте, это и правда интересно, как кружила человеческая мысль и почему над разгадкой работали физики-ядерщики. А реальный механизм оказался прост, но совершенно невероятен, непредсказуем, не выводился “на кончике пера”, но только экспериментами. Мне вы тоже не верьте, проверьте все сами.

В.Юрковец говорит:

Благодарю Вас, уважаемый Тарас Н, за развёрнутый ответ, однако, вынужден констатировать что Вы, вероятно, даже не перевернули страницу в той дискуссии. Там речь идёт о фактах. И где, в частности, написано, что противостояние Лысенко-Вавилов было борьбой идеологий в генетике. Что в итоге победила наука и правы оказались обе стороны. Что в этой истории только Лысенко оказался кристально чист перед Вавиловым, письменно отказавшись в ОГПУ давать порочащие Вавилова показания. В отличие от реальных доносчиков, имена которых также приведены в этом разговоре. По тем временам Лысенко рисковал своей головой, в отличие от подписантов “письма трёхсот”.

Если же говорить о “первоисточниках”, то они таки подтверждают правоту Лысенко о наследуемости приобретённых признаков. В современной биологии это уже подтверждённый и признанный факт, в дискуссии об этом сказано и ссылки приведены. Там же сказано, что противостояние Лысенко-Вавилов носило принципиальный мировоззренческий характер, а отнюдь не сводилось к борьбе научных идей. Так, критика теории Вейсмана со стороны Т.Д. Лысенко содействовала и провалу евгенических проектов, активно продвигавшихся в 1920-30-х годах ведущими генетиками-вейсманистами в СССР. Эти проекты, подразделявшие советских людей на “ценных” и “второсортных”, были близки образу мышления тогдашних троцкистов и их коллег-конкурентов – немецких нацистов.

Так что причины сегодняшнего противостояния состоят в том, что попгенетики только себя считают учёными, несмотря на то, что подписанты “Письма 21”, включая мать и дитя Балановских и Боринскую, являются малообразованной компанией, неспособной понять элементарные математические принципы, на которых основана ДНК-генеалогия (что они сами публично признали). Им это незачем – они уже и так элита, и гнобить второсортных “право имеют”. В пользу этого говорит и их поддержка нацистов на Украине и русофобов во всём мире с помощью попгенетической “методологии”. Которой, как показывает критика уважаемого Анатолия Алексеевича, нет.

Людмила Рябченко говорит:

Лысенковщина — борьба с генетикой, позорная страница советской науки, отбросила генетику на 20 лет назад, до сих пор догнать не можем. Проявление сталинизма в науке.

В.Юрковец говорит:

Ваше высказывание, уважаемая Людмила, не более чем штамп, созданный “элитарно”-либеральной пропагандой. Выше у меня есть ссылка на реальный материал по этому вопросу. Противостояние Лысенко-Вавилов, повторю, это борьба идеологий в генетике. В итоге победила наука, и правы оказались обе стороны. Лысенко оказался прав в том, что изменения среды (образа жизни) приводит к генетическим изменениям в организмах, которые наследуются. Правда Лысенко уже подтверждена современными исследованиями. Например, энтомолог-практик Г. Шапошников, доктор биологических наук, как-то случайно изменив питание тлей, вывел неизвестный природе вид насекомых. Работа была опубликована в авторитетном энтомологическом обозрении, докладывалась на международном конгрессе. А генетики таки нашли гены, хоть и не там, где предполагали (в семенной жидкости). Тезис – антитезис – синтез. Но наука победила не у нас, а на Западе. У нас в итоге победила не наука, а менделисты-морганисты, поимённо отметившиеся в “Письме 300”, что и привело к провальному отставанию в генетике, которое они же и свалили на Лысенко Трофима Денисовича. Благо, после оргвыводов по итогам рассмотрения “письма трёхсот”, у них для этого были все возможности. К слову, в обеих “перестройках” – как в 50-тых, так и в 80-тых, атаку на здравый смысл начинала икона либерализма академик Сахаров.

А борьба вейсманистов-морганистов с генетикой и одним из ярких её представителей – Лысенко Т.Д. – действительно позорная страница советской науки. И она ещё не перевёрнута, к сожалению. О чём говорят не прекращающиеся атаки на ДНК-генеалогию уже изрядно поредевшими (до 21 человека максимум) группами псевдоучёных-попгенетиков.

Людмила Рябченко говорит:

Ужас, если здесь царит такое мнение.

Сергей говорит:

Честно говоря, не понял, к чему конкретно про “ужас”, но то, что неолысенковщина обрела свое место в современной российской науке в лице попгенетиков и Ко – это действительно факт, здесь Валерий Павлович Юрковец абсолютно прав. Единственно должен поправить, позорное письмо против ДНК-генеалогии подписали 24 человека, а не 21, но сути это не меняет, всё те же ложь, клевета, попытки давить

административным ресурсом, вот только возможности у них сейчас не те, с репрессиями сейчас сложновато. Сами же пропагандируют то, от чего когда-то пострадали.

В.Юрковец говорит:

Я на самом деле говорю, что такого явления – лысенковщина, нет и никогда не было. По причине того, что заказчиком всех научных исследований в СССР было государство, все научные споры тогда решались административным путём. Я говорю, что донос на Вавилова написали его коллеги – вейсманисты-морганисты, а также партийные чиновники и чекисты. В то время как Лысенко был единственным учёным, который письменно отказался давать ОГПУ порочащие Вавилова сведения, т.е. был единственным, кто не вышел за рамки чистой науки.

Тарас Н говорит:

Нужно различать понятия:

1. Лысенко(вщина) как социальное явление, как решение научного спора административными методами. Это недопустимо. Пасквили Балановских на Клёсова из этой же серии. Еще немного и они нам расскажут, как гарвардские генеалоги травили светил российской науки – Балановских, мать и дитя.

2. Работы Лысенко как практика. Судить в деталях не берусь, но без научного фундамента эта работа останется фермерским ремесленничеством. Это не значит плохо, но такая работа имеет ограничения и в перспективе неизбежно проиграет конкурентную борьбу.

3. Наконец, Лысенко и генетика. Хочу Вас уверить, что я вашу ссылку внимательно изучил и копи-паст тоже. Пожалуйста, покажите, какие именно положения его учения были подтверждены и признаны на сегодняшний день мировым сообществом. Цитата корифея и подтверждение. Иначе это просто общие фразы. Я таких примеров не знаю. Мгновенное превращение одних видов в другие? Не подтверждено. Генотип не влияет на фенотип? Влияет, еще как. Организм вырабатывает у себя полезные признаки, изменяя себя под среду обитания? Нет, мутации случайны, а реакция на среду ограничена возможностями, записанными в генотипе. И это придумал не Лысенко, а Ламарк (француз) задолго до корифея. По факту, генетика оказалась права, а из-за Лысенко(вщины) советская наука потеряла время, школы, людей. И все равно пришлось вернуться к генетике.

Говоря о наследовании приобретенных признаков, надо помнить, что есть признаки, приобретаемые в результате мутации и они, конечно, наследуются. Но это генетика. Другой вид изменений поясню на примере: если собакам отрезать хвосты, то со временем собаки якобы начнут рождаться без хвоста. Это не утверждение Лысенко. Это точка зрения Ламарка, ламаркизм, который ошибочно приписывают Лысенко. И это не подтверждено никакими опытами. Я знаю только один случай опубликованный в научной литературе, который с натяжкой можно отнести к наследованию фенотипических признаков, но и он есть (фенотипическая) реакция в пределах predetermined генотипом, а значит снова генетика, а не лысенковщина.

В.Юрковец говорит:

Лысенко не резал пшенице “хвосты”. Он изменял условия выращивания и таким образом создавал новые виды, смотрите ответ на предыдущий Ваш комментарий.

Отвечаю по пунктам:

1. При чём здесь Лысенко (без “вщина”), если Вы, по сути, пишете о подписантах “письма трёхсот”. Они кому письмо писали - в Комиссию по лженауке? Они как решили научный спор с Лысенко? Без привлечения административного ресурса? Или им допустимо? Что касается пасквилей, то скажите, чем “письмо 24” отличается от “письма 300”? На мой взгляд, ничем.
2. Работы Лысенко как практика спасли в Великую Отечественную войну и после её окончания миллионы жизней. Это говорит о том, что он не гнушался заниматься фермерским ремесленничеством в тяжёлую годину на благо своих соотечественников. Вся страна, включая академиков, тогда “стояла у станка”, почему и выиграла у Гитлера конкурентную борьбу. Поэтому ставить ему в вину его практическую деятельность не надо. Это аморально, как минимум.
3. Здесь Вы уже путаете генетику (современную науку) и те представления, которые разделяли вейсманисты-морганисты с их “генетическими шариками” диаметром 0,02 - 0,06 микрона (откуда узнали?) и использовали в борьбе с Лысенко. Влияние среды на приобретение новых признаков организмами с последующим их наследованием доказано Лысенко, который выводил новые сорта пшеницы, изменяя условия их выращивания. Они зафиксированы и даже запатентованы должным образом, читайте ссылки в нашем разговоре, если уж говорите, что внимательно его изучили. Он ничего не знал о генах (не “шариках”), как и его оппоненты, но считал, что причину изменчивости надо искать в клетках и в итоге оказался прав. А уж какие механизмы и возможности для этого есть в

генотипе, мы этого тоже не знаем. Весомые доказательства этого – массовые образования новых видов при смене оледенений межледниковьями и обратно, которые всегда происходили мгновенно, беспощадно уничтожая тех, кто не успевал “перестроиться”. Окончание оледенений или межледниковий всегда приводили к смене видового состава фауны в зоне их влияния. И именно из “материала” предшествующих видов.

Что, как видите, подтверждает правоту Лысенко. Возможно, способности к изменчивости были выработаны очень давно – в течение миллионолетий существования видов в зоне климатических катастроф (постоянной смене оледенений межледниковьями, иссушений увлажнениями и наоборот), и “сидят” внутри генотипов уже в виде выработанных эволюцией механизмов.

Алексей говорит:

ДНК-генеалогия убедительно опровергает мифы этнического превосходства, элитарности с правом на привилегии. Популяционная генетика – часть эволюционной науки, которая находится под влиянием идеи элитарности. Разрабатывает модели общества на этой основе. Идея востребована мировым истеблишментом. Попгенетики действуют в их интересах. До реальной науки им нет дела. Они действуют в рамках научной организации, общества. Результат их деятельности – лженаука.

В.Юрковец говорит:

Короткий и ясный ответ на реплику уважаемого Тараса Н: “Одним идеологическим зарядом это не объяснить, здесь что-то другое”.

И. Рожанский говорит:

Уважаемые коллеги, не слишком ли вы отделились от темы статьи. Этому предмету были посвящены первые 7 комментариев. Остальные 17 – о чем угодно, только не о геномных исследованиях ископаемой ДНК. Может быть, пора остановиться либо вернуться к теме, если у кого-то есть что по ней добавить?

Анатолий А. Клёсов говорит:

С некоторой задержкой и кратко отвечаю на некоторые комментарии. Более чем на неделю выпал из дискуссий, упав в черную дыру под названием Гавана, Куба. Черная дыра – это, конечно, только в отношении интернета и соответствующей связи. В остальном – это весь диапазон от прекрасного до печального, но это отдельный разговор, весьма поучительный, о судьбах и достижениях категорического социализма и такого же капитализма.

Да, уважаемый Валерий Павлович, авгиевы конюшни еще те. Вообще читать эти работы – мука. Именно вязкая наукообразность, причем вызывающе мутная и «склизкая». Напоминает байку про чукчу, который что видит, то и поёт. Зачем, действительно, долгое и нудное повествование про «долю неандертальцев в геноме фермеров», когда это никаким боком к теме статьи не имело отношения? И при этом сама доля не приводилась, или была глубоко замаскирована в тексте или в таблицах. Какие-то бессмысленные слова о древних иранцах, еще доарийского происхождения, которые якобы ушли из Ирана в северные степи, к ямникам. Потому что «геном частично похож». Но почему тогда не наоборот, из степей к иранцам, раз похож? Но это даже не рассматривается. И кто из этих иранцев ушли в степи? Мужчины, оставив своих иранок? Но мужских гаплогрупп доарийских иранцев в степях нет, не найдены и у ямников. Может, женщины в степь сбежали? Но никаких мтДНК не упоминается, ни в Иране, ни в степях. Верьте мне, люди – так получается. Но в науке нет этого «верьте мне, люди», там нужны доказательства, предпочтительно перекрестные и убедительные. Этого в статье вообще нет, ни того, ни другого.

На вопрос – куда же смотрели рецензенты? – ответ простой, не было никаких рецензентов. Так устроилась «широкогеномная популяционная генетика». Да и как себе представляете рецензента статьи в десятки авторов, куда включены все ведущие популяционники мира? Тем более статьи нечитабельной и непроверяемой в принципе. Вы представляете научную судьбу популяционника (а именно ему должны отдать статью на рецензию, по принципам рецензирования), который набросал бы замечаний к статье? Это, кстати, прекрасно понимал Т.Д. Лысенко, упоминаемый в дискуссии. Свой [доклад на сессии ВАСХНИЛ 1948 года](#) он в своем заключительном слове подал так: «ЦК партии рассмотрел мой доклад и одобрил его». (*Бурные аплодисменты, переходящие в овацию. Все встают.*)

Ну и какая после этого дискуссия? Это – хороший полемический приём. После этого – желающие подискутировать, выходи по одному. «Первый пошел. Второй пошел...».

Статьи такого рода – закономерный итог развития популяционной генетики. Жуткое месиво из лоскутов «по понятиям», подгонка «генома» под свои представления, в обсуждении и дискуссии – полное отсутствие хоть какой-то научной школы. Полная профанация. Полное пренебрежение научными правилами и механизмами контроля, как совершенно справедливо заметил Тарас Н.

Я разобрал еще серию «широкогеномных статей» по «выходу из Африки», было просто интересно, как они «выход» покажут, поскольку нет такой «геномной» методологии, чтобы «выход» показать. Так и

оказалось, никак не показали. Но декларировали. Этот мой очередной разбор будет на Переформате, считайте за анонс.

Статью «Population genomics of Bronze Age Eurasia» (2015) мы многократно комментировали на Переформате, кроме этого она разобрана, с иллюстрациями, в моих последних книгах. Это та статья, где геном якобы показал переход индоевропейских языков из ямной культуры напрямую в Европу, где ямники (в основном R1b) якобы образовали культуру шнуровой керамики (в основном R1a), где носители R1b из ямной культуры якобы мигрировали на восток и создали афанасьевскую культуру, и так далее. Это та статья, относительно которой директор Института археологии в США написала, что статья показывает фантастическую безграмотность авторов. Российские популяционисты подняли обиженный шум, и написали много о том, что тон директора недопустим. Но при этом ни одного возражения по сути ее замечаний не дали. Популяционная генетика с ее безграмотными исполнителями.

А уж конференции «Ученые против мифов», какие упомянул Тарас Н., действительно в основном позорные. Там не было ни ученых, ни мифов. Примите также за анонс, на эту тему будет также статья на Переформате. Что, Соколов «ученый»? Или Клим Жуков? Или Боринская? Или Чубур? Они еще себя «официальными учеными» называют, смех да и только. Или эта крылатая фраза отсюда – «Задорнова ненавижу», он там «лжеученым» оказался, его клеймили. М.Н. Задорнов – член Союза писателей России, к науке он отношения не имеет, откуда тогда «лжеученый»? Бред какой-то.

И вот эта камарилья организаторов позорного судилища «связана одной цепью», как сказал классик. Все те же люди – Боринская, Соколов, Дробышевский... Боринская бежит с доносами (в лучших традициях 1930-х годов) в «комиссию по лженауке», борясь с гаданием по дактилоскопическим узорам на пальцах и с гомеопатией, которые никогда и нигде «наукой» не считались. При этом, как всегда, лжет направо, чтобы усилить эффект от доносов. Но об этом у нас будет позже.

Про Т.Д. Лысенко я воздержусь, для этого есть много желающих. Но дам совет – не повторять лозунги и выражения-штампы, это выглядит неважно и неэтично. Хотите обсуждать – цитируйте первоисточники, их достаточно много. Это – нормальный научный принцип.

ДОПОЛНЕНИЕ

В одной из последующих дискуссий на Переформате была упомянута недавняя статья С. Козлова, опубликованная в сети, под названием «Структура генофонда населения Русского Севера по аутосомным данным».

Она переключается по сути с материалом статьи выше, и в дискуссии поступила просьба статью С. Козлова прокомментировать, особенно в отношении «балто-финно-угорского субстрата на Русской равнине». Ниже – ответы в двух комментариях.

И. Рожанский говорит:

Эта история стара, как “Атлантида” (Рудбека, не Платона), причем она даже не с двойным, а с тройным-четверным дном. Под “балто-угро-финнов” метут все, что было на Русской равнине вплоть до X века н.э., смешивая в одну кучу антропологию, археологию, лингвистику, а в последние лет 15 и данные ДНК. Строго говоря, их все надо рассматривать по отдельности, и лишь потом сопоставлять варианты, а не притягивать ремнями одно к другому.

По последним двум пунктам по мере накопления данных выявляется серьезная пробоина в “мейнстримной” концепции. Очень похоже, что этот субстрат (точнее, то, что за него принимают) ищут не там. Дело касается, как это ни странно, германских языков. Такие серьезные германисты, как Ф. Кортланд и Ю.К. Кузьменко, находят в древнейшем слое германской фонологии и лексики мощный уральский субстрат, который невозможно объяснить сравнительно поздними контактами с их носителями на территории Швеции и Восточной Прибалтики. Более того, у германских народов практически отсутствует “угро-финская” (как принято считать) гаплогруппа N, опять же за локальным исключением шведов с молодыми (порядка 2000 лет до предка) ветвями. Чтобы разрешить парадокс, Ю. Кузьменко предположил, что тот исчезнувший язык передавался из поколения в поколение по материнской линии, но, насколько знаю, ни одного подобного примера нет. Дети из двуязычных семей перенимают язык отца, либо тот, на котором говорят вокруг, а отнюдь не язык матери-чужеземки.

Откуда же взялись загадочные “уральцы”, что оставили след в германских языках, и не в них одних? Может быть, люди из гаплогруппы N здесь ни при чем? К явному разочарованию попугенетиков из Эстонии, их до сих пор не обнаружили там, где модель угро-финского субстрата предсказывала их прежде всего – в Поволжье и Прибалтике эпохи мезолита и неолита. Посмотрим теперь, можно ли гаплогруппу N назвать “угро-финской”. Оказывается, нет. Проще сказать, на каком из языков Северной и Восточной Евразии не говорят ее носители (например, венгерском и мордовском-эрзя) чем определить специфическую для нее языковую семью. У народов Европы, говорящих на волжско-финских, пермско-финских, прибалтийско-финских, самодийских, славянских, балтских и тюркских языках, гаплогруппа N представлена тремя далеко разошедшимися ветвями L1026, Y9022 и R43. Все они распределены “поперек” языковых семей до такой степени, что,

к примеру, специфическая для финнов ветвь Z1940 находится в более близком родстве с “якутской” ветвью M2019, чем с распространенной у марийцев и удмуртов Y9022. Их общий предок уходит на 7000 лет назад, то есть почти на 3 тысячелетия до предполагаемого распада прото-угро-финской диалектной общности. Все указывает на то, что люди из гаплогруппы N не приносили с собой угро-финские языки из Сибири или Китая, а, напротив, переняли их от местного населения, рано утратив собственные. То есть, в точности повторилась история с эрбинами, почти в полном составе перешедшими на языки разных ветвей индоевропейских языков.

Если посмотреть на проблему угро-финского субстрата под этим углом, то становится ясно, что авторы концепции накидали в одну кучу черты, доставшиеся от разных народов в разное время. Во-первых, это древнейшее население Европы, мужские линии которого по большей части пресеклись, но сохранились женские в виде различных субкладов мито-гаплогрупп U5 и U4. Во-вторых, это народы, расселившиеся по Русской равнине в эпоху бронзы (R1a-Z80?), которые влились в состав не только будущих славян и балтов, но и народов Поволжья, в том числе предков венгров и мордвы. В-третьих, это сравнительно немногочисленная и недавняя миграционная волна из Центральной Азии и Сибири, от которой у европейцев остались линии гаплогруппы N и незначительная монголоидная компонента в геноме и генотипе.

Если из всей этой мешанины выделить “палеоевропейскую” составляющую, то, очевидно, ее во многом принимают за субстрат, о котором идет речь. Если исходить из данных палеогенетики, то людей той эпохи должна была характеризовать, прежде всего, гаплогруппа I2. Уральская языковая семья в таком варианте оказывается реликтом “палеоевропейских” языков, сохранившимся на окраине их ареала, и генетически не связанной с алтайскими, индоевропейскими и другими ностратическими. Сразу становится понятен след людей, оставивших “уральский” субстрат в германских, если принять во внимание, что до 1/3 носителей германских языков принадлежат к гаплогруппе I1, исчезнувшей из Центральной Европы 4300-4000 лет назад, но вскоре начавшей бурный рост на севере континента.

Вывод: После очистки от “мусора” модель о следе древнего населения Европы (в целом, а не одной только восточной части) может оказаться весьма плодотворной для решения загадок, ставящих в тупик непредвзятых исследователей. Для предвзятых же никаких загадок не существует априори, о чем здесь не раз заходил разговор.

Анатолий А. Клёсов говорит:

Игорь Львович уже дал информативный, как обычно, ответ, правда, не о самой статье С. Козлова, а по сути проблемы. Добавлю по статье. Она

вызывает смешанное ощущение. С одной стороны, С. Козлов, хотя и называет себя любителем, но его статья на порядок более четко написанная, чем у попугенетиков Балановских. С другой, Козлов делает ту же непоправимую ошибку, что и другие попугенетики, пренебрегая гаплогруппами и гаплотипами.

В целом же, использование аутомомных данных, на мой взгляд, имеет целый ряд фундаментальных проблем. Во-первых, неясно, что хотят показать авторы, или в данном случае Козлов. Они пытаются найти некую «похожесть» геномов изучаемых популяций. Если ДНК-генеалогия оперирует четкими метками в Y-хромосоме, прослеживает пути этих меток в пространстве и времени, и четко эти метки выявляет и датирует, то «похожесть» у попугенетиков обычно является размытой. Во-вторых, при анализе аутомом делается множество приближений и допущений. В-третьих, и это очень выражено у С. Козлова, нарушается фундаментальный научный принцип исследования, который давно отработан в естественно-научных дисциплинах. Попугенетика в этом отношении ведет себя как ангажированный гуманитарий. В науке (наукой я здесь называю именно естественно-научные дисциплины) сначала описываются исходные экспериментальные данные, и только потом производится их интерпретация и обсуждение, за которыми следуют выводы и заключения. Так работает и ДНК-генеалогия. Сначала приводится список гаплотипов, перечисляются снипы, выявляется базовый гаплотип, строится дерево гаплотипов, конкретизируются ветви дерева, к которым проявляется интерес, причем формулируются причины такого интереса, считается число мутаций в рассматриваемой серии гаплотипов, рассчитывается датировка общего предка, и только затем – затем, понимаете? – делается интерпретация исторического характера. Глупо забегать вперед, пока анализ данных не проведен, и начинать обсуждать выводы и заключения, глядя на исходные гаплотипы. Надо потерпеть и дождаться завершения всего анализа.

Теперь посмотрите, как строится статья Козлова. Он начинает обсуждение (!) с самого начала, рассуждает о происхождении «компонентов» (например, «уральско-сибирского»), пишет *«видимо, изначальное происхождение компонента связано со смешением восточных, «сибирских» вариантов континуума древних охотников-собираателей и пришельцев с юго-востока, принесших с собой восточноазиатские генетические варианты»*. Это должно (или не должно) быть результатом исследования, а он уже закладывает это в условие задачи. По сути это является подгонкой будущего ответа под формулируемые заранее положения. Еще одно характерное начальное «положение» – *«я принял в качестве рабочего предположения, что до XX века люди смешанного происхождения обычно входили в состав русских, либо это делали их потомки»*. Что «делали», кстати? Опять, это должно быть результатом исследования, а не исходным положением, или «предположением».

Еще у Козлова – «*влияние шведов на генофонд юго-западных финнов согласуется с известными из истории фактами*». И это – еще до начала анализа. Так нельзя. Я не раз приводил важное положение – **«выводы каждой области науки должны покоиться на собственных материалах, а не навеяны данными смежной науки»**. Это должно быть выводом при анализе материала, и только потом – с чем полученные выводы согласуются. Иначе это откровенная (или замаскированная) подгонка. А что если «известные из истории факты» неверны? Таких очень много.

Козлов использует геномы «*выборки восточных поморов в качестве 100% представителей дославянского генофонда*». Нельзя так делать. Это должно быть результатом исследования, а может и не оказаться. Как можно такое класть в основу анализа? Козлов сам не уверен, и спрашивает сам себя – можно ли так делать? Находит (для себя) соображения, что можно, но в этих соображениях тоже заложены подобные исходные положения. Он обсуждает «предков из чуди», хотя по чуди вообще никаких данных нет, кроме того, что они упомянуты в «Повести временных лет», но попугенетики упорно толкают чудь в «финно-угры». Откуда, на каких основаниях?

По данным Козлова, марийцы не показывают никаких «*следов влияния на генофонд русских*». Занятно. Смотрим на гаплогруппы, которыми Козлов пренебрегает. Гаплогруппы R1a у русских в среднем 48%, у марийцев – 32%. Как же никаких следов?

И вот тут начинается самое интересное – а что же попугенетики все-таки хотят найти? Какова цель исследования? Но мы знаем, что они ответят – мы хотим найти похожесть геномов, и это даст... А что это даст, спросим мы? Вон, у марийцев треть гаплогруппы R1a, у русских половина, а следов пересечения нет (?). С. Козлов и сам на это обращает внимание – пишет, что в результате продвижения на запад уральцев они сохранили свою N1a1, а аутосомы совсем другие. Более того, и по мтДНК совсем другие. Цитирую – «*в результате наблюдаемая картина при использовании разных систем генетических маркеров резко различается – если по Y-гаплогруппам влияние пришельцев весьма высоко, а кое-где преобладает подавляюще, то по аутосомным и мито-маркерам оно или совсем невелико, или находится в меньшинстве*». Так что ищут-то, что хотят найти? Уже ведь ясно, что метки нет, сама концепция метки проваливается, что мы уже видели много раз у попугенетиков. Вспомним, что по аутосомам что шнуровики, что ямники, что афанасьевцы, что срубники, что андроновцы, что синташтинцы – одно и то же, диаграмма «широкогеномных попугенетиков» была приведена недавно на Переформате.

И здесь данные С. Козлова подсказывают, что проблема с методологией

по аутосомам есть, и большая. Он сам пытается дать объяснение, но недоговаривает. Видимо, уперся в тупик. Он поясняет, что, видимо, по мере продвижения уральцев на запад они женились на местных женщинах, и вклад «уральских» аутосом вымывался. Но мы знаем, что их гаплогруппа, обычно N1a1, оставалась, и мы ее видим у современников. Так что С. Козлов тогда видит в их аутосомах? Вклад местных женщин? Но это не метка, которая должна сопровождать уральцев. Метка утеряна, если смотреть на аутосомы. А если смотреть на Y-ДНК, то все в порядке, метка есть. Можно работать. Или аутосомы показывают в данном случае «круг местных женщин»? Но тогда какой от них, аутосом, толк? Прошли уральцы еще дальше, круг местных женщин опять переместился, опять аутосомы уже другие. Так, что ли?

Еще большая, фундаментальная проблема в анализе аутосом (и «широкого» генома, как и «полного») в том, что популяционные оперируют с «референсными» геномами, то есть усредненными по выбранной территории или стране. И этот «референсный» становится тем аршином, которым популяционные слепо измеряют «вклады», то есть дробят «похожести» на компоненты. Причем число компонентов искусственно задается, у С. Козлова выбрано четыре. Иначе компьютер долго считает. Таким образом, любая популяция дробится на четыре «компонента». И вот получается (у С. Козлова) список «компонентов» русских в южной части Западной Сибири, пять популяций. Первая – поляки 15%, вторая – поляки 25%, третья – поляки 20%, четвертая – поляки 15%, пятая – поляки 25%. Это, заметьте, Сибирь, области Новосибирская, Кемеровская, Томская, и Алтайский край. Вот поляки-то удивятся, а то и испугаются. С. Козлов сам этим смущен, пишет, что это, наверное, не поляки, а украинцы, или южные русские, «хотя чем черт не шутит». Но компьютер так решил, что поляки, причем, заметим, решил настойчиво.

Какой вывод делаю? А тот, что на полученные результаты по аутосомам даже смотреть не хочу. Смысл? Геном есть, расчеты есть, «компоненты» выделены, компьютер свое отработал, что-то он там нашел, картинки нарисовал. Но когда непонятен смысл, что искали, что это дает, причем конкретно, какой смысл тогда на это смотреть? Удостовериться что работа проведена, что время затрачено? Увольте. А то, что получают «кластеры», что их можно сравнивать друг с другом – естественно, получают, куда они денутся? Только надо знать, что они реально означают. А вот этого – нет.

Пушкин, Ратша и Бог Папа

Б.И. Попов

Всякий раз, когда мы отмечаем памятные даты из жизни Александра Сергеевича Пушкина, средства массовой информации спешат поведать нам о том, что его предком был негр из Эфиопии, которого в Российской империи в насмешку прозвали Ганнибалом, имея в виду древнего знаменитого полководца и правителя Карфагена. Как этого негра звали в Эфиопии, никто не запомнил. В России же его крестили в церкви с именем Абрам. Отчество дали в честь императора Петра Первого. Так и стал он Абрамом Петровичем Ганнибалом (1698-1781). От его брака с Христиной-Региной фон Шеберг (1717-1781) родился сын Осип (1744-1806). Дочерью этого Осипа Ганнибала была Надежда Осиповна (1775-1836), мать Александра Сергеевича. Всё это нам регулярно рассказывают ушлые журналисты в погоне за различного рода сенсациями. Иногда даже проводят репортажи из самой Эфиопии, где показывают памятник А.С. Пушкину, народному поэту Эфиопии, и некоторых местных жителей, якобы очень похожих на нашего поэта.

Предков чтить, безусловно, надо. Вот и Александр Сергеевич писал, что *«гордиться славою своих предков не только можно, но и нужно, не уважать оной есть постыдное малодушие»*. Но какую фамилию носил наш поэт, *«наше всё»*? Может его настоящая фамилия была Ганнибал? Нет! Может, он должен был носить немецкую фамилию фон Шеберг? Тоже нет! Он носил, как ни странно, фамилию Пушкин!

Почему же он носил такую фамилию? Да очень просто! Ведь все его предки по отцовской линии носили такую фамилию, начиная от Григория Александровича Морхинина, которого и прозвали Пушкой. Этот Григорий родился во времена Дмитрия Донского и, скорее всего, имел отношение к пушкам. Однако оказывается, что Александр Сергеевич был Пушкиным не только по отцовской линии. Он был Пушкиным также и по линии своей матери. Ведь Надежда Осиповна в свою очередь была дочерью Марии Алексеевны Пушкиной (1745-1818). В лице дочери, который она получила от матери, не было ничего негритянского. Он был Пушкинский. Поэтому наш великий поэт был не просто Пушкиным, а Пушкиным в квадрате! Почему же наши журналисты регулярно забывают об этом и уводят нас каждый раз далеко в сторону?

В любом случае возникает вполне естественный вопрос: к какому же роду-племени относились Пушкины? Понятно, что они не были африканцами. Но может они были потомками татар или монголов, как утверждают сегодня некоторые наши соседи, пытающиеся сочинять новые басни о происхождении большинства россиян? Попробуем спокойно разобраться.

Согласно сохранившимся родословным, известно, что предками Александра Сергеевича по отцовской линии были следующие лица:

Отец - Сергей Львович Пушкин (1770-1848). Он служил сержантом, прапорщиком, капитаном-поручиком, майором, военным советником, начальником Комиссариатской комиссии в Варшаве;

Дед - Лев Александрович Пушкин (1723-1790). Он служил капралом, сержантом, штык-юнкером, подпоручиком, капитаном, майором, в 1762 был заключён под стражу по Указу Екатерины Второй за поддержку императора Петра Третьего, а в 1763 был отправлен в отставку в чине подполковника артиллерии. В собственном родовом имении имел 1400 душ крестьян. Его женой была Ольга Васильевна Чичерина (1737-1802);

Прадед - Александр Петрович Пушкин (1686-1725), служил солдатом, сержантом, каптенармусом. Его женой была Авдотья Ивановна Головина (1703-1725), дочь любимого денщика Петра Первого. Однажды в припадке ревности или сумасшествия прадед убил свою жену, за что был сурово осуждён и посажен в тюрьму. Там он и скончался.

Более древними предками А.С. Пушкина были следующие лица:

Пётр Петрович Пушкин (1644-1692). Он служил стряпчим, стольником, вторым судьёй во Владимирском судном приказе, судьёй по земельным делам и межевщиком в Московском уезде. Участвовал в Крымских военных походах. Его женой была Федосья Юрьевна Есипова.

Пётр Петрович Пушкин Старший (ум.1661), служил рындой, стольником, воеводой у засек в Туле. Его женой была Анастасия Афанасьевна Козловская.

Пётр Тимофеевич Пушкин Чёрный, Толстой (1590-1634), служил жильцом, дворянином, воеводой сторожевого войска в Пронске, воеводой в Тюмени, сотенным головой в Москве. Его жена Елена Григорьевна Сунбулова.

Тимофей Семёнович Пушкин (ок.1560). Он упоминался в 1597-1618 годы, служил сотенным головой в полках Чернигова, головой в походе к Серпухову против крымских татар, воеводой в Царёве-Борисове, жильцом, дозорщиком в Романовском уезде, воеводой в Цивильске. Кто была его жена, неизвестно.

Семён Михайлович Пушкин (ок.1530). Он упоминался в 1567-1578 годы, служил в опричнине, вместе с Иваном Грозным участвовал в военном походе и был у знамени царя, являлся выборным дворовым по Вязьме, служил писцом в Волоке Ламском.

Михаил Иванович Пушкин (ок.1500). Он упоминался в середине XVI века, имел вотчину рядом с Москвой в Димитрове.

Иван Гаврилович Пушкин (ок.1470). О нём, к сожалению, ничего неизвестно.

Гаврило Константинович Пушкин (ок.1425). Он упоминался в 1448-1461 годы, когда был послухом купчей на землю в Дмитровском уезде.

Константин Григорьевич Пушкин (ок.1400-1450). О нём самом ничего неизвестно, но его брат Фёдор Григорьевич Пушкин в 1433 году был боярином Василия Васильевича, великого князя Московского.

Григорий Александрович Морхинин (ок.1375). Именно этот предок получил прозвище Пушка. Поэтому его можно считать родоначальником всей семьи Пушкиных. Если его сын Фёдор стал боярином, то, вероятно, сам Григорий Александрович тоже был знатным человеком.

Александр Иванович Морхинин (ок.1350). Он жил во времена Дмитрия Донского. И это вся информация о нём.

Иван Гаврилович Морхиня (ок.1325). Основатель рода Морхининых.

Ещё более древними предками Пушкиных были:

Гаврило Алексич (ок.1300)

Алекса Якунович (ок.1275)

Якун (ок.1250)

Ратша (ок.1225).

Надо сказать, что потомками Ратши в России были не только Пушкины, но также такие роды, как: Аминовы, Безногие, Булгаковы, Бульгины, Бутурлины, Волковы, Волченковы, Жулебины, Замыщкие, Зелёные, Каменские, Кологривовы, Коровины, Курицыны, Мусины-Пушкины, Мятелевы, Ногавицыны, Поводовы, Рожновы, Свибловы, Слепцовы, Слизнёвы, Смолкины, Товарковы, Трегубовы, Улитины, Хрулёвы, Челядины, Чертовы, Чешихины, Чтоботовы и Чулковы. Получается, что все указанные 33 российских рода произошли от одного и того же человека, от Ратши.

О происхождении самого Ратши есть некоторые сведения в различных родословных. Например, в древней Бархатной книге в главе 17 сохранилась следующая запись: «Изъ Немець пришлоь муж честна Радша».

Сам Александр Сергеевич в «Родословной Пушкиных и Ганнибалов» писал: «Мы ведём свой род от прусского выходца Радши или Рачи (мужа честна, говорит летописец, т.е. знатного, благородного), выехавшего в Россию во время княжества св. Александра Ярославича Невского...»

Вот какой документ оставил нам в 1799 году гвардии отставной поручик Василий Львович Пушкин: «Московской губернии в собрание господ губернского предводителя со депутаты гвардии отставного поручика Василия Львова сына Пушкина объявление. По силе Правительствующего Сената указа, состоявшегося прошлого 1797 года, марта 23 дня, собранию депутатскому предъявить честь имею в доказательство происхождения рода предков своих данную мне Государственной коллегии иностранных дел из Московского архива справку, в которой значитя, что **первоначальный предок именем Радша во дни благоверного великого князя Александра Невского выехал из немец, от которого по нисходящей линии потомство значущея имели при великих государях разные службы и были при иностранных дворах в посольстве и в иных знатных чинах, за что и жалованы**

были поместным окладом и вотчинами; а, сверх того, и за прапрадедом моим стольником Петром Петровичем Пушкиным, как во оной справке значится, состояли имения, поместья и вотчины на Коломне в Песочном стану сельцо Давыдово, в Дмитрове сельцо Синее, и в Московском уезде в Гаретове стану деревня Ракова, да Нижегородской губернии в Арзамасском уезде село Редино. По нисходящей линии во владении переходило к деду моему Александру Петровичу, а от деда к родителю моему артиллерии подполковнику Льву Александровичу, а от него оное ныне состоит за мною порознь с братьями моими, Николаем, Петром и Сергеем, как в приложенном списке значится. А из сего оное собрание усмотреть может и в согласность вышеписанного с предьявленного мною в 1798 году, 21 сентября, в Московской коллегии иностранных дел архиве поколенного родословия за скрепою копии и употребляемый в фамилии нашей Пушкиных герб с описанием, а на имеющиеся чины родителя своего артиллерии подполковничий и на свой гвардии прапорщичий и подпорутчичий патенты прилагаю при сем и со всего одного двойным числом точные копии, также и дополнительное против данной из Московского архива иностранной коллегии справки поколенное родословие, почему и прошу почтенное собрание господ губернского предводителя со депутаты, по всегдашнему моему в Москве пребыванию и по состоящему двору, о причислении в общество благородного дворянства по Московскому уезду, кому следует пожаловать дать свое повеление, приложенные ж копии с подлинными документами приняв рассмотреть и по рассмотрении подлинные выдать мне обратно с роспискою, а копии благоволено бы было по силе Правительствующего Сената указа 1797 года, марта 23 дня, о составлении всем дворянским родам общего гербовника по внесении в оной и моей фамилии и для получения подлежащего диплома по учинении своего определения препроводить Правительствующего Сената в Герольд-мейстерскую контору. К сему объявлению отставной гвардии порутчик Василий Львов сын Пушкин руку приложил. Октября дня 1799 года».

К этому прошению был приложен исполненный в красках рисунок герба, подписанный братьями Василием и Сергеем Львовичами Пушкиными (дядею и отцом поэта) и заверенный московским предводителем дворянства князем Александром Ивановичем Лобановым-Ростовским в том, что герб этот «издревле в роду Пушкиных употребляется».

К приведенному ходатайству Василием Львовичем Пушкиным была приложена справка, выданная ему в 1799 году из Московского архива Государственной коллегии иностранных дел, в пункте третьем справки архив отвечал: «... Хотя по делам сего архива герба, в фамилии Пушкиных употребляемого, и не значится, но поелику род их показан в поколенной росписи, просителем предьявленной, **происшедшим от Радши, выехавшего из Немец в княжение благоверного князя Александра Невского, то во всемилолюбивейше пожалованном 1760-го года, февраля в 17-й день, генерал-фельдмаршалу и разных орденов кавалеру Александру Борисовичу Бутурлину дипломе на графское Российской империи достоинство, между прочим, значится в описании родового герба следующее: «В верхней левой части находится в горностаевом поле алая бархатная княжеская шапка с горностаевою опушкою под золотую дугую, украшенную малою золотую**

державою с крестом, в память, что из отечества своего Славенской земли вышедшие в Россию предки фамилии Бутурлиных ещё победоносным знаменем великого князя святого Александра Невского против неверных воевали; в нижней же правой части оказывается в голубом поле рука золотая в латах, держащая концем вверх обращенный меч; сей щит с самых древних времен находится и в щитах королевства Венгерского, яко герб покоренного ему королевства Славонии, а фамилия Бутурлиных из давних же времен имела оный, того ради сия часть щита и **доказывает из Славонии** происшествие; наконец в среднем, или внутреннем, золотом щите представляется голубой орел с распростертыми до половины крылами и с малою золотою короною на главе, держащий с правой стороны в когтях меч, а с левой золотую державу, что как славенские и российские летописи свидетельствуют, изревле был обыкновенный герб фамилии». Сия выпись о фамилии Пушкиных учинена Государственной коллегией иностранных дел в Московском архиве на основании именного его императорского величества указа, июля в 27-й день минувшего 1797-го года состоявшегося, по которому архивы обязаны способствовать дворянам в отыскании доказательств дворянского достоинства, и дана вышеупомянутому просителю лейб гвардии Измайловского полка порутчику Василию Львову сыну Пушкину. 21-го июля 1799-го года. № 114. Подлинная подписана Мартыном Соколовским, Николаем Бантыш-Каменским, Иваном Стриттером и Алексеем Малиновским».

Необходимо отметить, что описанный герб был выдан при пожаловании диплома генерал-фельдмаршалу графу Бутурлину в 1760 г. Ещё раньше в 1716 году в дипломе на графское достоинство Ивану Алексеичу Мусину-Пушкину, говорилось: «...из древней благородной фамилии Мусиных-Пушкиных, которой фамилии **прародитель именем Радша от знатной фамилии славенской из Германии** в Россию выехал, от которого многие знатные фамилии и между иными и Пушкиных, в лето от создания мира 6706, а от рождества Христова 1198, в княжение, особое в России, великого князя Александра Ярославича Невского, из которых произошли от Михаила, прозванного Муса-Пушкина, фамилия Мусиных-Пушкиных даже до сих времен прямою линиею влечется. . . »

Далее следовало описание герба: «...щит четверочастный, из которого в первой и четвертой частях, в серебряных полях орел голубой одноглавый с распростертыми крылами, который держит в правой лапе меч, а в левой глобус; во второй части, в серебряном же поле корона княжеская; в третьей же, в золотом поле рука, облаченная красным, со обнаженным мечом; над щитом шлем и над оным корона золотая графская, из которой выставлена рука, облаченная красным с обнаженным мечом. . . »

В родословных Мусиных-Пушкиных сохранились строки о том, что их родоначальником был Михаил Тимофеевич Пушкин, по прозванию Муса, который жил в XV веке. Сам Муса в десятом колене был потомком Радши якобы «**семиградского** выходца знатного прусского рода».¹

20592059205920592059

¹ В. К. Лукомский. Архивные материалы о родоначальнике Пушкиных – Радше.

Можно заметить, что сведения о происхождении Радши или Ратши в различных семьях несколько отличаются друг от друга. Так у Пушкиных говорится о том, что Ратша выехал во времена Александра Невского, а у Мусиных-Пушкиных – в 1198 году, то есть на несколько десятилетий раньше.

У Пушкиных говорится о том, что Ратша выехал из Немец, из Пруссии, а у Бутурлиных и Мусиных-Пушкиных говорится, что он был родом из Славонии или Семиградия, то есть с территории Трансильвании (Румынии).

Известно, что в 1211 году король Венгрии Андраш Второй приглашал тевтонских рыцарей для помощи в борьбе с половцами. Тевтоны разместились в Бурценланде на юго-восточной границе Трансильвании, получив при этом значительную автономию. К 1220 году они построили пять замков: Мариенбург, Шварценбург, Розенау, Кройцбург и Кронштадт. Потом ещё два. После этого местная территория стала называться Семиградием. Если следовать за Мусиными-Пушкиными, то Радша выехал именно отсюда.

Но само Семиградие возникло на несколько десятилетий позже 1198 года, когда Радша якобы выехал на Русь. Поэтому в 1198 году он никак не мог выехать из Семиградия. Следовательно, Радша мог выехать из Семиградия значительно позже – лишь после 1220 года. Надо учесть, что в 1225 году король Венгрии Андраш Второй настоял на том, чтобы всех тевтонов переселили на север к Балтийскому морю. Поэтому они и появились в Пруссии, где стали воевать с местными языческими племенами пруссов и построили замки с теми же названиями, которые они носили в Семиградии.

Если же Радша выехал действительно в 1198 году, но тогда он мог выехать не из Семиградия, а из Немец. В любом случае получается, что какая-то часть предания Мусиных-Пушкиных о происхождении Радши не соответствует действительности.

Вследствие этой путаницы различные авторы делают и различные выводы о происхождении Ратши. Одни авторы ищут его предков на Балканах, а другие – на территории Пруссии. Кто же из них прав? Может всё-таки надо следовать за Бархатной книгой, написанной ещё в 1687 году? Ведь эта книга была составлена не на пустом месте, а на основе ещё более древних разрядных книг Московского государства.

Точный ответ на поставленный вопрос сегодня может нам дать такая новая и точная наука, как ДНК-генеалогия или молекулярная история. Дело в том, что в настоящее время изучена мужская Y-хромосома одного нынешнего представителя семьи Мусиных-Пушкиных. В базах данных эта хромосома обозначается как kit 186197. Специалисты по ДНК-генеалогии относят её к так называемой Венедской семье или к семье R1a-YP569. Её представители проживают ныне в основном у берегов Балтийского и Белого морей. Найдены также отдельные представители, проживающие сегодня на Украине, в

Румынии, Болгарии, Боснии, Британии, Испании, Армении, Казахстане и Узбекистане.

Прим. редактора: В базе данных IRAKAZ имеются 60 русских с подтвержденным снипом YP569, и еще 54 с гаплотипами, характерными для YP569, но пока не подтвержденными снипами.

Прим. редактора: Нет оснований считать, что из многих снипов субклада R1a-Z92, который иногда называют «венедским», именно YP569 является "венедским".

Мужская Y-хромосома передается только от отца к сыну, поэтому Ратша мог иметь практически такую же самую хромосому, как и ныне живущий представитель семьи Мусиных-Пушкиных. Изменения хромосом могут быть лишь очень незначительными вследствие единичных мутаций. Причём происходят такие мутации в среднем один раз за несколько столетий.

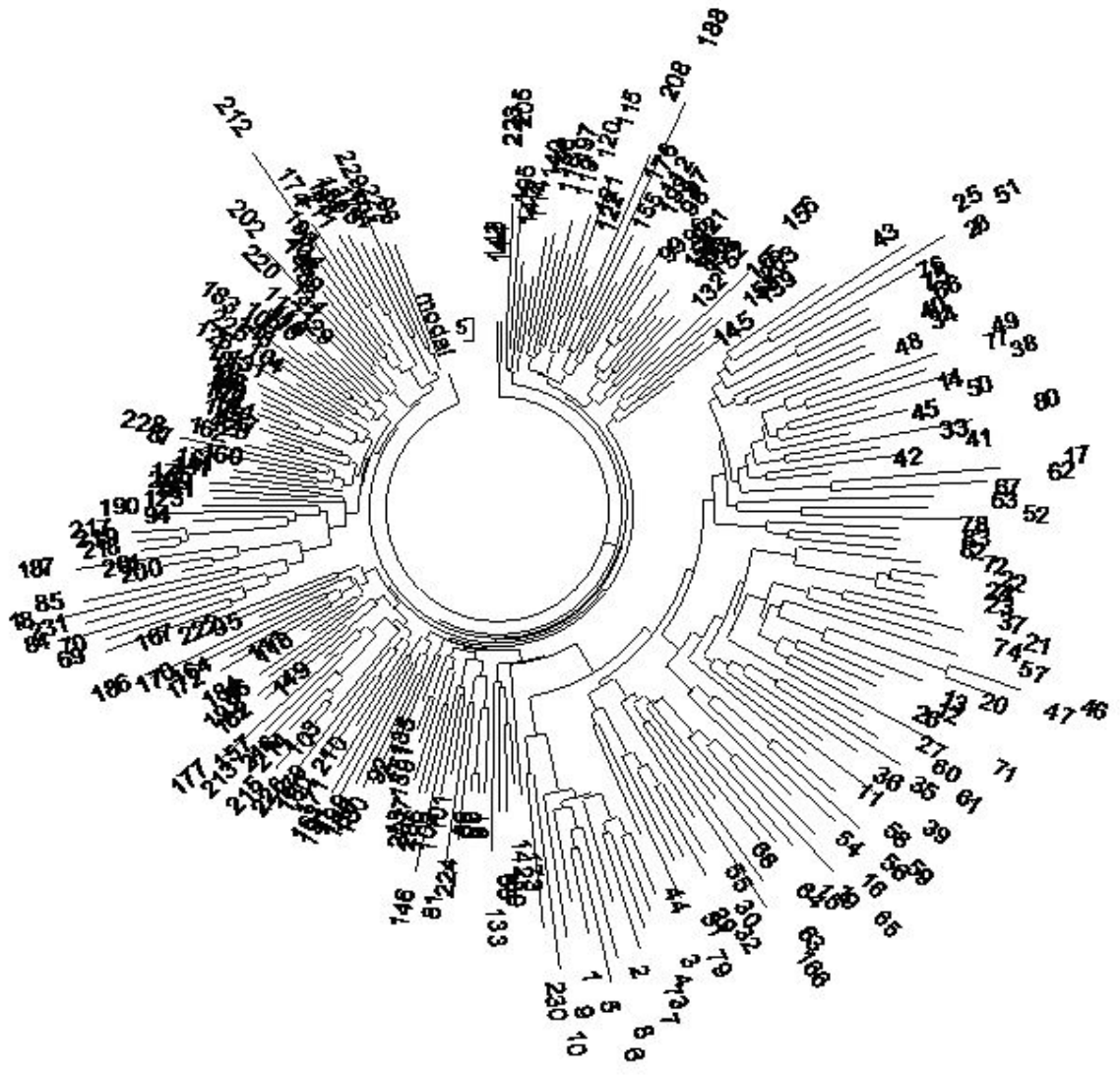
Прим. редактора: Снип-мутации в Y-хромосоме происходят в среднем раз в поколение, мутации в гаплотипах происходят в среднем раз в пять поколений (в 111-маркерных гаплотипах), раз в восемь поколений (в 67-маркерных гаплотипах), раз в 11 поколений (в 37-маркерных гаплотипах). Или, соответственно, раз в 125, 200 и 275 лет.

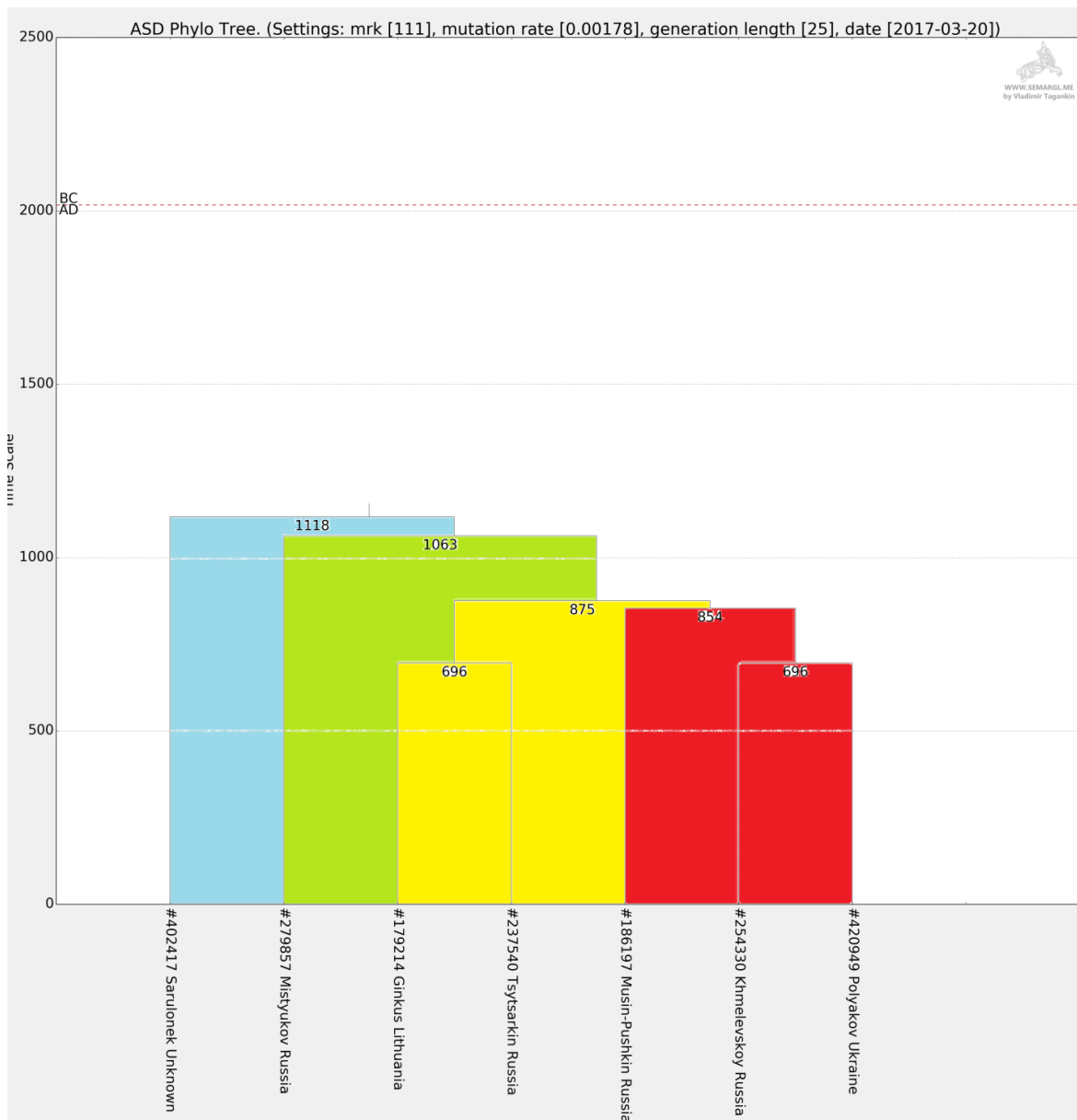
Исходя из скорости происхождения мутаций, специалисты подсчитали, когда примерно могла образоваться Венедская семья. По данным компании Yfull это могло произойти около 3300 лет тому назад. Ныне во всех базах данных можно найти около 200 представителей Венедской семьи. Если с помощью сайта www.semargle.com составить 111-маркерное генеалогическое древо этой семьи, то получится, что общий предок всей семьи мог родиться даже ещё раньше – примерно 3469 лет тому назад или в 1522 году до н.э.

Прим. редактора: Эти расчеты в принципе правильные, если исключить нереальную точность датировки. Дерево северо-евразийского субклада R1a-Z92 из 253 гаплотипов в 67-маркерном формате приведено ниже, его левая (и верхняя) ветвь из 55 гаплотипов имеет базовый гаплотип

13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 – 15 9 10 11 11 25 14 20 32 12 14 14 16 – 11 12
19 23 15 16 18 20 34 38 13 11 – 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13
8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13

общий ее предок жил 3200±360 лет назад. Эта ветвь относится к субкладу Y4459 > YP569, и, видимо, в основном к субкладу YP569. Расчет по снип-мутациям (компания YFull), субклад YP569 образовался 3300±800 лет назад.





Согласно этому древу, самыми ближайшими сородичами Мусиных-Пушкиных являются нынешние жители России по фамилии Хмелевской и Цыцаркин, житель Украины с русской фамилией Поляков и житель Литвы по фамилии Гинкус. Их общий предок мог родиться примерно 875 лет назад или в $1950 - 875 = 1075$ году.

Если составить 67-маркерное генеалогическое древо самых ближайших сородичей Мусиных-Пушкиных, то получается следующая картина.

предок Мусина-Пушкина и Andre (всего две мутации между их 67-маркерными гаплотипами) жил 210 ± 150 лет назад, общий предок Мусина-Пушкина, Цыцаркина и Гинкуса (20 мутаций между тремя 111-маркерными гаплотипами) жил 868 ± 213 лет назад (без округления), более реалистично 900 ± 200 лет назад, и общий предок всех четверых (67-маркерные гаплотипы, 13 мутаций между всеми) жил 694 ± 205 лет назад (без округления), более реалистично 700 ± 200 лет назад. Общий вывод это не меняет, все они могли быть потомками Ратши (или кого-то другого, кто жил в те времена), но запись теперь выглядит более корректно, в том числе и математически.

А что же могло происходить ещё раньше? Ответ на этот вопрос также можно попробовать найти на генеалогическом древе. Так примерно 860 лет назад или в $1950-860=1090$ году мог родиться общий предок не только выше перечисленных лиц, но также украинца польского происхождения Шмуневского, россиян Хмелевского и Гончарова, жителя Украины с русской фамилией Поляков.

Примерно 1069 лет назад или в $1950-1069=881$ году или во времена Рюрика мог родиться общий предок не только выше перечисленных лиц, но также россиян Кудрина, Савина, Кочетова, Фёдорова, Мистюкова, Рыжова, Кудинова, Уваркина, а ещё жителя Украины неизвестного по имени, норвежца Нельсона, украинца польского происхождения Сарулонека, белоруса польского происхождения Рудзецкого и литовца Бужайтиса. Налицо некоторое смещение проживания отдельных потомков в сторону Пруссии (Восточной). Поэтому мы может сделать предварительный вывод о том, что Ратша, действительно, мог выехать на Русь из Пруссии.

Кто же были его непосредственные предки? Как восстановить историю их жизни? Продолжим опять анализировать генеалогическое древо самых близких сородичей Мусина-Пушкина. В более древние времена, примерно 1158 лет тому назад или в $1950-1158=792$ году на древе появляются родословные линии, ведущие опять в Россию, Беларусь и Литву. Примерно также родословные линии ветвились и даже в более древние времена вплоть до $1950-2378=434$ года до н.э. Никакой Румынии или Венгрии здесь нет. Поэтому можно сделать окончательный вывод о том, что не могли предки Мусиных-Пушкиных и Ратши жить в Семиградии на территории нынешней Румынии. Это не подтверждается расчётами ДНК-генеалогии. Следовательно, их предков нужно искать всё-таки на южных берегах Балтийского моря.

Во времена Рюрика, если верить разным источникам, здесь располагалась Страна Вендов. Так эта страна называлась, например, в Северных сагах. Германские Ксантенские анналы тоже сохранили нам строки о существовании в 845 году королевства вендов. Причём королём вендов они называли некого Рорика. Здесь же жили и варяги-русь. Согласно русским летописям, вождём местных варягов-русь был князь Рюрик, который в 862 году стал княжить в Ладоге и в Новгороде. Поэтому можно прийти к выводу о том, что Рорик, король вендов, и

Рюрик, вождь тамошних варягов-русь, – это один и тот же человек. Предки Ратши, проживавшие здесь же, могли быть его подданными.

Надо заметить, что среди представителей Венедской семьи есть, например, и князья Белосельские-Белозерские (kit 188621). До сих пор сами себя они относили к потомкам Рюрика по отцовской линии. Однако изучение их мужской Y-хромосомы показало, что это не так. Они могли быть потомками Рюрика в лучшем случае только по материнской линии. Если с помощью электронного калькулятора Килина-Клёсова, подсчитать, когда мог родиться общий предок князей Белосельских-Белозерских и Мусиных-Пушкиных, то, если сравнивать их 37-маркерные гаплотипы, мы получим примерно 1650 лет тому назад или $1950-1650=300$ год. Этот результат ещё раз показывает, что предки Рюрика и Ратши могли даже в те годы жить рядом друг с другом, причём, скорее всего, на южных берегах Балтийского моря, то есть на территории нынешней Северной Польши.

Так случилось, что ваш покорный слуга тоже относится к Венедской семье (kit 304318). Если с помощью того же самого электронного калькулятора посчитать, когда мог родиться общий предок моих донских казаков Поповых и Ратши, то мы получим тоже примерно 1650 лет тому назад или тоже 300 год. Конечно, все эти даты даны здесь без учёта погрешности скорости изменения гаплотипов. Ведь в расчётах используется только средняя статистическая скорость этих изменений. Фактическая же скорость может немного отклоняться в ту или другую сторону.

Теперь надо вспомнить о том, что писал о славянах древний историк Мавро Орбини: *«Сии славяне наименовались при мори Венедицком, прежде нареченном Кодан, в начале преехавши реку Вислу, и прошедшее даже до оные Албии (Эльбы – Б.П.), наскочили на жителей шведов, лонгобардов, ругов и швитонов при мори Каданском, иже одолении бывшее от славян, отъидоша ко брегом Дунайским, оставившее всю страну во власть реченных славян, сиеже случися в лето от Христа 500, после богом определённых преселинии народных»*.² Получается, что славяне могли появиться у южных берегов Балтики только в 500 году. Следовательно, предки Ратши, а также князей Белосельских-Белозерских и донских казаков Поповых, которые жили у берегов Балтики ещё раньше, могли относиться не к славянам, а, действительно, к венетам (венетам), которые как раз и жили на севере Польши ещё до прихода славян.

Вот что писал о них готский историк Иордан: *«Эти [венеты] происходят из одного корня и ныне известны под тремя именами: венетов, антов и склавенот (славян – Б.П.). Хотя теперь, по грехам нашим, они свирепствуют повсеместно, но тогда все они подчинились власти Германарика»*.³

20592059205920592059

² Мавро Орбини. Историография початия имене, славы и расширения народа славянского и их царей и владетелей под многими именами и со многими царствиями, королевствами и провинциями. М. 2010. Стр. 51

³ Иордан. О происхождении и деяниях гетов

Это утверждение древнего историка показывает, что веныды (или венеты), славяне и анты происходили из одного корня, но имели разный исторический путь. Теперь, чтобы узнать более древнюю историю предков Ратши и А.С. Пушкина, вспомним, что писали о венедах (венетах) древние историки Рима.

«7... Молодой П. Красс зимовал с 7-м легионом у самых берегов Океана, в стране андов. Так как в этих местах было мало хлеба, то он разослал по соседним общинам за провиантом нескольких командиров конницы и военных трибунов. Между прочим, Т. Террасидий был послан к эсубиям... К.Веланий с Т. Силием – к **венетам**.

8. Это племя пользуется наибольшим влиянием по всему морскому побережью, так как **венеты** располагают самым большим числом кораблей, на которых ходят в Британнию, а также превосходят остальных галлов знанием морского дела и опытностью в нём. При сильном и не встречающем себе преград морском прибое и при малом количестве гаваней, которые, вдобавок, находятся в руках именно **венетов**, они сделали своими данниками всех плавающих по этому морю...

9... они укрепляют города, свозят в них хлеб из деревень, стягивают как можно больше кораблей в **Венетию**, где Цезарь, несомненно, должен был начать свои действия. Для совместного ведения этой войны они принимают в союзники осисмов, лексовиев, намнетов, амбилиантов, моринов, диаблинтов, менапиев, а вспомогательные войска берут из противоположащей Британнии...

12. Тамошние города обыкновенно были расположены на конце косы или на мысу, и к ним нельзя было подойти ни с суши, так как два раза в день, через каждые двенадцать часов, наступал морской прилив, ни с моря, так как при наступлении отлива корабли терпели большие повреждения на мели. Таким образом, то и другое затрудняло осаду городов...

13. Надо сказать, что их собственные корабли были следующим образом построены и снаряжены: их киль был несколько более плоским, чтобы легче было справляться с мелями и отливами; носы, а равно и кормы были целиком сделаны из дуба, чтобы выносить какие угодно удары волн и повреждения; рёбра корабля внизу были связаны балками в фут толщиной и скреплены гвоздями в палец толщиной; якоря укреплялись не канатами, но железными цепями; вместо парусов на кораблях была грубая или же тонкая дублёная кожа... вернее потому, что полотняные паруса представлялись недостаточными для того, чтобы выдерживать сильные бури и порывистые ветры Океана и управлять такими тяжёлыми кораблями».⁴

«IV.13.96-97...и не меньшей, по представлению, является Энингия. Некоторые передают, что она населена вплоть до реки Вистулы (Вислы – Б.П.) сарматами, **венетами**, скирами, хиррами, что залив называется Килипен и остров в его устье Латрис, затем другой залив, Ланг, пограничный кимбрам».⁵

«Я колеблюсь, причислить ли народы певкинов, **венетов** и феннов к германцам или сарматам. **Венеты** многое усвоили из нравов, ведь они обходят разбойничьими шайками все леса и горы между певкинами и феннами. Однако

20592059205920592059

⁴ Записки Юлия Цезаря. Книга третья. Галльская война.

⁵ Плиний Старший. Естественная история в 37 книгах.

они скорее должны быть отнесены к германцам, поскольку и дома строят, и носят щиты, и имеют преимущество в тренированности и скорости пехоты – это всё отличает их от сарматов, живущих в повозке и на коне».⁶

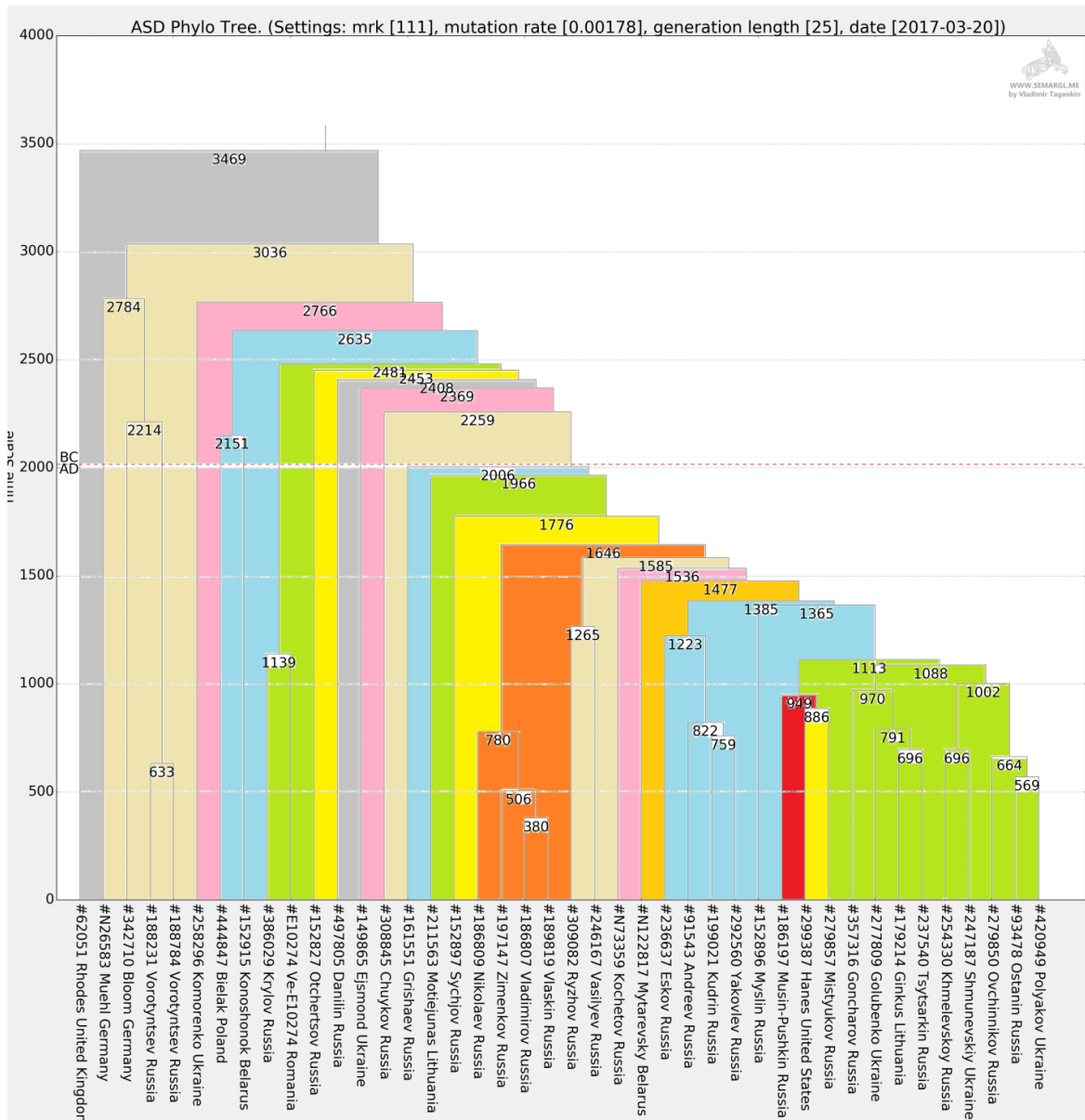
«III.5.1,5 (1) Европейская Сарматия окружена с севера Сарматским океаном вдоль **Венедского** залива... (5) И иными горами опоясана Сарматия, из которых называют... и **Венедские** горы... III.5.7-10 (7) А занимают Сарматию очень большие народы – **венеды** вдоль всего **Венедского** залива... (8) И меньшие народы населяют Сарматию: по реке Вистуле ниже **венедов** гитоны, затем финны, затем сулоны; ниже них фругудионы, затем аварины у истока реки Вистулы... (9) Восточнее названных, снова ниже **венедов**, суть галинды и судины и ставаны вплоть до аланов... (10) И снова побережье Океана вдоль **Венедского** залива последовательно занимают вельты, выше них осии, затем ещё севернее карбоны, восточнее которых кареоты и салы, за ними и гелоны, и гиппододы, и меланхлены; за ними агафирсы, затем аорсы и пагириты; за ними савары и боруски вплоть до Рипейских гор».⁷

Вот сколько интересного можно узнать о венедах (венетах), если читать строки, написанные древними историками Рима. Составим теперь общее 111-маркерное генеалогическое древо Венедской семьи.

20592059205920592059

⁶ Корнелий Тацит. О происхождении и местах обитания германцев.

⁷ Клавдий Птолемей. Географическое руководство.



Согласно этому древу, Венедская семья могла произойти примерно 3469 лет тому назад или в 1947-3469=1522 году до н.э. Где это могло произойти? Если ещё раз обратить внимание на 111-маркерное генеалогическое древо Венедской семьи, то можно заметить, что самая древняя родословная линия уходит к нынешнему жителю Британии (kit 62051). То есть получается, что самые древние венеды (венеты) могли жить когда-то на территории Британии.

Прим. редактора: Так, конечно, делать нельзя, а именно судить о территории происхождения племен по тому, где сегодня живет их дальний потомок. А что, если бы он оказался сейчас в США или Канаде? Так и по белогвардейцу в Харбине можно заключить, что Русь пошла оттуда, а по современному американцу заключить, что англичане тысячелетия назад жили в Америке.

В древних британских преданиях венеты (энеты) действительно упоминались. Впервые они появились на берегах Туманного Альбиона примерно в 1150 году до н.э. Во главе их были Брут и Кориней. Все они представляли собой потомков бывших троянцев, которые после поражения в Троянской войне оказались на территории Италии в районе Рима и Венеции. Затем они по разным причинам покинули берега Италии. После прибытия на Британские острова вся окрестная земля в честь Брута стала называться Британией, а Кориней основал отдельное королевство, которое стало называться Корнубией. Тогда же был основан и город Тринованта, то есть Троя Новая. Ныне это город Лондон.

Впоследствии один из правителей Корнубии примерно в 700 году до н.э. вместе со своим братом совершал военный поход в Галлию и Германию. Затем они вместе захватили также и Рим.⁸ Все эти события указывают на какую-то связь венетов (энетов) Корнубии с теми племенами, которые могли проживать потом на территории нынешней Франции и Германии. Если посмотреть на 111-маркерное генеалогическое древо ещё раз, то можно заметить, что примерно 2784 лет тому назад или в 1947-2784=837 году до н.э. как раз и появляются на древе родословные линии, ведущие после Британии в Германию (kit N26583, 342710). Так с помощью ДНК-генеалогии можно в принципе доказать правдивость британских преданий о военных походах на восток вплоть до Германии.

Древние греки также упоминали энетов (венетов). Таким именем они называли тех участников Троянской войны, которые во главе с Антенором отправились из Трои на территорию нынешней Венецианской области в Италии. Во время Троянской войны их предводителем был Пилемен, сын Билсата. Он откликнулся на призыв царя Приама и привёл своё войско ему на помощь. Женой Пилемена якобы была нимфа Гигейского озера, расположенного в Лидии. Упоминались и их дети: Антиф, Месфл и Гарпалион. Во время Троянской войны Пилемен и Гарпалион погибли. Их преемником и стал Антенор, сын Дардана или Айсieta. Что интересно: сам Приам был потомком Дардана, который, согласно греческим преданиям, был родом с острова Крит.

Ещё раньше, то есть до Троянской войны, энеты (венеты) жили в Левко-Сирии (Белой Сирии), то есть на территории древней страны Митанни или Русен (Ruthen), а потом и на севере нынешней Турции в Пафлагонии. Об этом писал ещё сам Гомер. Таким образом, наиболее древние следы предков венетов (энетов) могут вести в страну, носящую когда-то удивительное название Русен. Ныне в этом районе Сирии расположены горы под названием Рус. Их даже сегодня называют Русскими горами. Вероятно, они сохранили такое название со времён пребывания здесь предков венетов (энетов).

20592059205920592059

⁸ Geoffroy de Monmonth. Histoire des Rois de Bretagne. Paris. 1992

В свою очередь, и жители Трои, и некоторые жители страны Русен были потомками одних и тех же беженцев с острова Крит. Поэтому неудивительно, что во время Троянской войны они объединились. Если о предках троянцев нам известно из древних греческих преданий, то о некоторых жителях страны Русен (Митанни) нам известно из сведений, полученных археологами.

*«Сирийское (митаннийское – Б.П.) общество унаследовало от минойцев (жителей острова Крит – Б.П.) алфавит, а также вкус к дальним морским путешествиям... Тот факт, что обнаруживается **родство сирийского общества с минойским**, представляется несколько удивительным. Скорее следовало бы ожидать, что универсальным государством у истоков сирийского общества была не талассократия Миноса, а Новое царство Египта и иудейский монотеизм был возрождением монотеизма Эхнатона. Однако свидетельства не подтверждают такой зависимости. Не существует также данных, которые подтверждали бы сыновнее родство сирийского общества обществу империи Хатти. Наконец, нет никаких свидетельств, которые указывали бы на родство сирийского общества с более ранней империей шумеров и аккадцев. Культура общества, для которого эта империя была универсальным государством, оставила глубокий след в истории стран и народов, входивших в неё. В течение семи веков после смерти Хаммурапи аккадский язык продолжал оставаться lingua franca торговли и дипломатии во всей Юго-Западной Азии. След этой культуры был одинаково глубоким и в Сирии, и в Ираке. В манерах и обычаях сирийского народа он прослеживался с XVI – до XIII века до н.э., если верить древнеегипетским источникам. Однако в ходе дальнейшего исторического развития этот след не воспроизводился. Когда тьма, охватившая историю Сирии после миграции 1200-1190 гг. до н.э., стала рассеиваться, исчез и след старой культуры. Клинопись стала вытесняться алфавитом, и позже о ней не вспоминали. Минойское (критское – Б.П.) влияние оказалось сильнее».*⁹

На этом основании можно сделать вывод о том, что не только предки Дардана, но также и предки венецов (энетов) вплоть до Девкалионова бедствия, которое произошло в 1470 году до н.э., могли несколько веков проживать на острове Крит и относиться к Эгейской археологической культуре. Видно неслучайно выше названное 111-маркерное генеалогическое древо Венедской семьи показывает, что общий предок этой семьи мог быть очевидцем Девкалионова бедствия.

Вот что писали разные историки о представителях Эгейской культуры на острове Крит.

*«Культура **Крита** опередила в своём развитии островную и эладскую культуры. Здесь раньше, чем в других районах произошёл переход к бронзе».*¹⁰

*«...позади элинского общества обнаруживаются признаки общества ещё более древнего. Морская держава, контролировавшая со своей базы на **Крите** Эгейское море, вполне соответствует понятию «универсальное государство». За Критом в элинской традиции закрепилось название*

20592059205920592059

⁹ А.Дж.Тойнби. Постигание истории. Минойское общество. Стр.63

¹⁰ Советская историческая энциклопедия. Т.4, стр.726

«талассократия (морское владычество) Миноса». Это общество оставило по себе память в виде дворцов в Кноссе и Фесте...

...материальная цивилизация, характерная для Крита, распространилась к концу XVII в до н.э. через Эгейское море к Арголиде и постепенно охватила весь Пелопоннес и Центральную Грецию».¹¹

«В образотворческом и декоративно-прикладном искусстве **Крита** орнаментально-декоративный стиль (2000-1700 гг. до н. э., достигший совершенства в росписи ваз камарес) сменяется в 1700-1500 гг. до н. э. большие конкретную и непосредственной передачей образов растительного и животного мира и человека (фрески дворца в Кноссе, вазы с изображением морских существ, производство мелкой пластики, торевтики, глиптики)».¹²

«Открытие блестящей дворцовой кносской культуры на **Крите** привело к своеобразному критоцентризму. Эванс считал материковую Грецию лишь провинцией Кносса, а всю её культуру сводил к заимствованиям с Крита».¹³

«9... Что касается **Крита**, то все писатели согласны с тем, что в древности остров имел хорошие законы и что лучшие из греков, в первую очередь лакедемонцы, стали в этом отношении его подражателями, как Платон об этом свидетельствует в «Законах», а также Эфор, который описывает в сочинении «Европа» его государственное устройство...»¹⁴

«Возникает впечатление, что минойская цивилизация была обществом равных, представляя собой – в зародышевой форме – модель позднейших демократических идеалов Греции, которые медленно развивались и формировались на Крите».¹⁵

«В той степени, в какой удалось расшифровать свидетельства о древнем критском культе, мы можем сделать заключение не только о преобладающем в нём духовном содержании, но также и о чём-то таком, что роднит его последователей с верой, которая в последние два тысячелетия распространялась среди приверженцев восточных религий, таких, как иранская, христианская и исламская...

Если в самых общих чертах сравнить её с религией древних греков, то следует сказать, что в ней больше духовного содержания. С другой стороны, в ней больше личностного. На «кольце Нестора», где символы воскресения представлены в форме куколки и бабочки над головой богини, она (богиня) явно обладает властью давать верующим жизнь после смерти...»¹⁶

«Эта универсальная богиня представлена и в минойском искусстве в виде Божественной Матери, которая с обожанием держит младенца, а символы её бессмертия – куколка и бабочка – были найдены в минойских могильниках в виде золотых амулетов».¹⁷

20592059205920592059

¹¹ А. Дж. Гойнби. Постигание истории. Минойское общество. Стр.58-59

¹² Википедия. Свободная энциклопедия

¹³ Советская историческая энциклопедия. Том 8. Стр.163

¹⁴ Страбон. География. Книга X, глава IV

¹⁵ Алан Батлер. Компьютер Бронзового века. Расшифровка Фестского диска. Стр. 41

¹⁶ Evans, Sir Arthur. The Earlier Religion of Greece in the Light of Cretan Discoverie. Стр.37

¹⁷ А. Дж. Гойнби. Постигание истории. Минойское общество. Стр.61

Вот какими необычными людьми могли быть древние предки троянцев и венетов (энетов).

Как же в то время могли называть себя некоторые жители острова Крит? Здесь на помощь к нам может прийти диск с надписями, найденный в Фесте. Этот диск был изготовлен в середине XVIII века до н.э., то есть как раз в то время, когда на острове Крит произошли качественные изменения образов растительного и животного мира и человека.

«Диск был найден... при раскопках древнего города Фест, расположенного недалеко от Агия Триады на южном побережье Крита... Артефакт обнаружил археолог Луиджи Пернье в культурном слое одного из подсобных помещений (комната № 8 – по всей видимости, храмовое хранилище) строения № 101 при вскрытии первого дворца. Диск находился в главной ячейке тайника, замаскированного в полу комнаты под слоем штукатурки. Однозначного ответа на вопрос о происхождении диска нет до сегодняшнего дня. Многие исследователи высказывались в пользу его некритского происхождения. В доказательство приводились доводы: внешний вид иероглифов говорит о том, что письменность диска никак не связана ни с одной из известных письменностей Крита, изображения нетипичны для критской традиции, отсутствуют самые распространённые знаки – обоюдоострая секира, голова быка и т.д. Изображения дома, корабля, человеческих фигур также разнятся с данными истории и археологии Крита, сорт глины, из которой изготовлен диск, не обнаружен на Крите (аргумент считали весомым некоторые исследователи)... Условная датировка – 1700 г. до н.э. – эпоха третьего среднеминойского периода... Письменность диска уникальна и кардинально отличается от существовавшего в тот же исторический период на острове критского письма. Однако были обнаружены памятники письма, в той или иной степени перекликающиеся с Фестским диском: отпечатанный на глине знак (НМ 992), аналогичный № 21 диска (найден в 1970 году в Фесте...), Надпись на бронзовой секире из Аркалохори... с похожими, но не идентичными знаками, каменный алтарь из Малии, связанный с Фестским диском ещё более отдаленно, ряд находок, содержащих спиральные надписи, обнаружены как на Крите, так и в других частях Эгеиды, а также в Этрурии..., спиральная надпись на свинцовом диске из Маглиано на этрусском... ..указывает на явно неиндоевропейский строй языка диска, предполагая родство «минойского» с хаттским».¹⁸

Согласно этому последнему предположению получается, что ранее некоторые предки Дардана и венетов (энетов) могли жить в Хеттском царстве, то есть в Каппадокии.

Что же думают некоторые учёные о надписях на Фестском диске?

«...эти пиктограммы расположены с исключительным мастерством и действительно несут некую лингвистическую информацию, но при этом сгруппированы особым образом, что позволяет им функционировать в качестве маркеров и выполнять чисто математические функции... Фестский

диск следует рассматривать как одну из самых древних в мире... вычислительных машин».¹⁹

В то же время, если строки, записанные на Фестском диске простыми знаками слогового письма, прочесть по методике Г.С. Гриневича, специалиста по дешифровке, когда, например, рисунок рыбы читается просто как слог РЫ, а рисунок вепря – как слог ВЕ, то мы сможем получить следующий текст:

Фестский диск. Сторона А:

«Це горсы чеи бе же ни щош. Це горсы нно по чеи. В место ноувья ще вы ю още. Мсте. Чве вы посылеше. Мсто. Споры бе же ни щеше. Мсто. Чве вы посылеше. Теси цепою. Бо е щиче нинощи. Ни место ...вия. За мощь в бодоше рыеть. Же е чедо ё вьеде вчеи».

Налицо появление какого-то связанного по смыслу текста. Примерный дословный подстрочный перевод его может быть такой:

Те горести чаю были же ничто. Те горести ныне паче чаю. В месте новом ещё вы их ощущаете. Вместе. Что вам посылеше. Место. Споры были же ничто. Место. Что вам посылеше. Теснись цепою. Ибо её ощущаем ниночно. Ни место ...вия. За мощь в будущем радеть. Иже есть чада её, ведаем чьи.

Фестский диск. Сторона В:

«Бодо лапо же бо пония. Бо выси быше забоди е мы, иде вы побо чедо бо нивы, бо лепо жошь, забоди е мы чедо е иза е, забоди е че шеше. Рысиюния черые вы очи, Никодо де ё це целеше йедиме. Ни еде бо. Ле... же мы – вы чеи боти рысичеи, д вы почи в кодри шьлемы. Ропот же ни бодо ще бо я мы».

Примерный подстрочный перевод может быть такой:

Будем лапо же бо понимая. Ибо всё бывшее забудем мы, где вы побуде – чада будут, нивы, ибо лепа жизнь, забудем её мы – чада есть, узы есть, забудем её что шедши. Рысиюния чарует вам очи. Никогда до неё целом едины. Ни единожды будет. Лепо же мы – вы чьи будете рысичи, для вас почесть в кудрях шлемы. Ропот же ни будет ещё, ибо я – мы.

Примерно вот так. И как же беженцы, оказавшиеся на острове Крит, называли свою прежнюю родную страну? Они называли её Рысиюнией, а себя – рысичами. Получается, что примерно в XVIII веке до н.э. на острове Крит появились какие-то рысичи, которые ранее проживали в стране Рысиюнии, а потом были изгнаны оттуда по какой-то причине. Возможно, вследствие поражения в войне. Где же могла располагаться эта страна? Если судить по названию, то в этой стране могли водиться рыси. Значит, скорее всего, она могла располагаться где-то к северу от Крита. Скорее всего, как уже было отмечено выше, в Хеттском царстве или в Каппадокии.

Какие же события происходили в этой стране в середине XVIII века, в результате которых какая-то часть её жителей была вынуждена

20592059205920592059

¹⁹ Алан Батлер. Компьютер Бронзового века. Расшифровка Фестского диска. Стр.51-52, 70

бежать на остров Крит? Здесь можно вспомнить древние армянские предания.

«По завершении борьбы с жителями Востока Арам, с той же ратью, движется к пределам Ассирии. Находит и там разорителя своей страны по имени Баршам, из рода великанов, с сорока тысячами вооруженной пехоты и пятью тысячами конницы, который обращал все окрестные страны в пустыню, притесняя их тяжестью налагаемой дани. Арам наносит ему поражение в битве и, истребив многих его (воинов), гонит его через Кордук вплоть до Ассирийской равнины; сам Баршам погибает, наступив на него ратниками. Сирийцы обожествили этого Баршама и поклонялись ему долгое время за многочисленные его отважные подвиги. Арам же многие годы взимал дань с большей части Ассирийской равнины.

Нам предстоит ещё рассказать о его подвигах на Западе, в борьбе с Титанидами. Он движется на Запад, прибавив к прежнему (войску) сорок тысяч пехоты и две тысячи всадников, и прибывает в пределы Каппадокии, в то место, которое ныне называется Кесарией. И так как он, по завоевании восточных и южных стран, вверил их двум родам, а именно – Сисакеев – восточные, потомкам же дома Кадмоса – ассирийские, то более не опасался смут откуда-либо. Поэтому он долгое время остаётся на Западе и там подвергается нападению Титанида Пайаписа Каалеа, который властвовал над страной между двумя великими морями – Понтом и Океаном. Арам вступает с ним в сражение и побеждает его, заставив бежать на один из островов Азийского моря. Сам же оставляет в стране одного из своих сородичей по имени Миак с десятью тысячами войска».²⁰

Произошло это якобы 11 сентября 1772 года до н.э. у реки Хошаб. Что здесь следует пояснить? Во-первых, сирийцами тогда называли жителей Хеттского царства. Это, конечно, были не современные арабы-сирийцы, а некие белые сирийцы. Таких сегодня тоже много проживает на территории нынешней Сирии. Автору приходилось видеть их собственными глазами даже в самых отдалённых уголках этой страны. Наверное, среди них есть и потомки древних хеттов.

Во-вторых, Титанид Пайапис Каалеа называется властителем страны, которая простиралась тогда от Понта до Океана, то есть от Чёрного моря до Атлантического океана. Или, что вполне возможно, от страны Пала на Кавказе и до Эрифии (Британии и Ирландии). Причём, Пайапис тогда же появился и в Каппадокии, где после гибели Баршама пытался сам защитить местное население от войск Арама. Следовательно, данное армянское предание полностью подтверждает выводы археологов и расчёты специалистов по ДНК-генеалогии о том, что предки Венедской семьи в те годы могли владеть какими-то землями и в Северной Европе, включая Эрифию (Британию, Ирландию), и на Кавказе в стране Пала, и в Каппадокии в Хеттском царстве.

Самое замечательное в этом армянском предании то, что названо имя правителя той непростой державы, где могли жить наши предки. Также сохранилась дата его военного поражения и упоминание о его

20592059205920592059

²⁰ Мовсес Хоренаци. История Армении. Книга 1. Глава 14

дальнейшей судьбе. Вначале обратим внимание на имя – Папайос Каалеа. Так именовали его армяне. В Греции же его именовали несколько иначе:

*«Согласно мифам, Арам, воюет в Каппадокийской Кесарии, где сталкивается с детьми титанов (титанидами), побеждает титанида Папайоса Кахья (Папайос Химерогенес), которого изгоняет на остров Азийского моря (Средиземное море)».*²¹

Папайос или просто Папай – известный персонаж у многих народов. Геродот называл его верховным богом всех скифов, а значит, и всей Скифии, простиравшейся когда-то от Понта до границ Китая. На Северном Кавказе на территории бывшей страны Пала у нынешних карачаевцев и балкарцев Папай – это отец богов. В Поволжье у татар и чувашей Папай – это дед богов. Ещё дальше в Западной Сибири у народа манси Папайн – это богатырь и первопредок. Рядом с Троей во Фригии верховный бог носил имя Багас Папайос. Все эти факты могут свидетельствовать о том, что когда-то все упомянутые народы, почитавшие Папая, могли быть его подданными.

А что же показывают расчёты, выполненные с помощью, например, линейного метода ДНК-генеалогии? Оказывается, среди нынешних преемников тех наших общих предков, кто жил во времена Папая, есть нынешние жители Германии и России, относящиеся к семье R1a-Z92; есть жители Италии, Венгрии, Польши, Литвы, Крыма (татары) и России, относящиеся к более старшей семье R1a-Z280; есть жители Англии, относящиеся к семье R1a-Z282; есть жители Италии, Австрии, Словении, Сербии, Болгарии, Литвы, Беларуси, Украины, России, Татарии, относящиеся к семье R1a-Z283; есть жители Ирландии, Норвегии, Польши, относящиеся к семье R1a-M417; и есть жители Ирландии, Шотландии, Уэльса, Норвегии, Франции, Австрии, Литвы, Татарии, Крыма (татары), Грузии, Сирии, Израиля, Саудовской Аравии, ОАЭ, Казахстана, Киргизии, Индии, относящиеся к самой старшей семье R1a-M512.

Прим. редактора: Суть и смысл параграфа выше остаются неясными. Что такое - " ... среди нынешних преемников тех наших общих предков, кто жил во времена Папая, есть...»? Получается, все перечисленные объединяются только тем, что их предки жили в 18-м веке до н.э.? Но таких – миллионы по всей планете. То, что использовано – не критерий. Или, возможно, автор неудачно выразил мысль.

Следовательно, наши общие предки, современники Папайоса, могли появиться тогда на многих морских берегах от Ирландии, Британии и Норвегии на западе и до Индии на востоке. А ещё появились они также в Сирии, то есть как раз в Хеттском царстве, и к северу от Чёрного моря вплоть до Поволжья. Возможно, именно тогда и разделились вены славянами и антами. И кто же в таком случае мог быть тогда одним из их

20592059205920592059
²¹ Мифы народов мира. Энциклопедия. Том 1, стр.97

общих правителей? Какое имя он носил? Неужели это был сам Багос Папайос, то есть Бог Папа?

The Kushan Word h ꞥ A K I Λ O

Dr. V. Osipov



As one can see in the photo, there is the following inscription next to the image of Hercules with his unchanging attributes:

h ꞥ A K I Λ O

The letter ꞥ “thorn” (for “ts”) here can be easily confused with the very similar to it letter P (for “r”). Compare: ꞥ and P. In our opinion, this was done specifically to enable double reading: both GERAKILO and GETsAKILO.

The first sign of this inscription corresponds to the Latin letter h "ha" and is read as "he" or "h". It also corresponds to the Ukrainian sign "Г", which is for soft "Ukrainian "sound "g" or something similar.

In Kushan texts two signs are used to represent a sound similar to the sound of "g". These are the signs "h" and "Г".

A similar situation can be observed in the modern Ukrainian language. In this language there are two types of sound "g". One sound is weak. This is the so-called "Ukrainian "g". It is represented with the letter "Г". The other sound is hard. This is the so-called "Russian "g". It is represented with the letter "Г" (Ghe with upturn).

The word GETsAKILO, as it were, is composed of two words, namely: GETsAK + ILO.

The first word, GETsAK, is formed by a Slavonic (Russian) model with the suffix - AK that is often used to indicate the locality from which somebody comes. For example:

РУСАК "Russian man"

ПРУСАК "Prussian man"

ПОЛЯК "A resident of Poland, Polish-born"

МОРЯК "Sea man"

ЗЕМЛЯК "fellow-countryman, compatriot"

ТУЛЯК "Native of Tula city"

КАЗАК "Cossack" (man from Cossack people)

ГЕЦАК "a purebred man from the Getae people"

The root GET in the word GETsAKILO can be associated with the Getae people, Thracian tribes.

The second word, ILO, (IL, ILU or ILA) is the ancient Near East word meaning "god".

Thus, the word GETsAKILO, in addition to the meaning of "Hercules", acquires another meaning of "god of Getae".

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Part 84

Анатолий А. Клёсов
Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

www.anatole-klyosov.com

ПИСЬМО 286

Я сделал ДНК-тест, который определил, что у меня гаплогруппа и субклад R1a-M198, и последующая интерпретация вида гаплотипа показали, что я отношусь к снипу R1a-YP569. Но расшифровка и персональное описание мутации YP569 сделаны, на мой взгляд, поверхностно и похожи на отписку. Можно ли проверить это определение?

МОЙ ОТВЕТ:

В последовательности снипов гаплогруппы R1a ниже (на Вашей ДНК-линии) красным цветом обозначен снип, который для Вас определен прямым тестированием. Далее ДНК-линии этой гаплогруппы расходятся на десятки направлений и вариантов. Автор интерпретации (это был, кстати, не я) выявил по данным тестирования одно, именно Ваше направление, и прошел по нему на восемь ступеней вглубь, до снипа YP569.

R1a-M420 > M459 > **M198** > M417 > Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > Z92 > Y4459 > YP569.

Вы, не будучи специалистом, не ощущаете глубину и уровень анализа, но могу Вас заверить, что в мире есть всего несколько человек, а, точнее, всего два человека, которые это могут делать. На Ваш взгляд, это «поверхностно». Далее, Вы пишете, что недовольны «персональным описанием мутации», но исследование не ставило целью «описание мутации», задача была в ее выявлении, и это уже немалое достижение. Это – главное в персональной интерпретации, и на это уходит основное время исследователя. Остальное – уже «гарнир», поскольку эту мутацию (точнее, снип) можно найти в многочисленных справочниках, это уже

«лаборантская» работа. А вот найти ее, выявить, идентифицировать – этого уже нигде не прочесть, это уже высший пилотаж, индивидуальная работа исследователя.

Далее, если Вы обратите внимание, автор интерпретации описал и саму линию Z92 > Y4459 > YP569, то есть ту самую мутацию – показал ее положение на диаграмме, привел карты, показал предковый гаплотип, описал время жизни общего предка этой линии, дал информацию, приведя линк, где можно найти сведения о носителях той же мутации. Я, признаться, не понимаю, в чем Ваше неудовлетворение. Вы, видимо, ожидали чего-то иного, видимо, какой-то довольно общеизвестной информации. Но это не есть задача персональной интерпретации – давать общую информацию, которая есть в открытом доступе для всех. Задача – дать то, что Вы нигде не прочтаете, относящееся именно к Вам.

Так что здесь, видимо, мы видим некоторое недоразумение. Вы пишете, как будто Вы заказывали предоставление неких конкретных сведений, и Ваш конкретный заказ оказался невыполненным. Контракт, так сказать, нарушен. Но это не так, не было никакого нарушения.

Скажу больше. Когда я в США рассказываю, какую плату Академия берет за подобную персональную интерпретацию, эквивалентную 50 долларам США, люди думают, что я их разыгрываю. Таких цен за индивидуальную работу консультационного характера не бывает. Исходя из обычных затрат времени на интерпретацию, подскажу – по обычным расценкам в США как консультанта она бы стоила Вам как минимум 2500 долларов, или примерно 140 тысяч рублей. Это объясняет, почему никто в мире такие интерпретации не делает. Иначе говоря, авторы интерпретаций в России занимаются здесь благотворительностью, и ими движет только желание помочь людям получить сведения о своих корнях, о ДНК-истории своего рода. Более того, вырученные средства идут в Академию, для поддержания ее работы, для оплаты ДНК-тестов тех людей, которые сами их не могут оплатить.

Понимаю, что Вы об этом не думаете, да об этом и не надо думать. Вы заказали персональную интерпретацию, не детализируя, что именно Вам нужно, иначе говоря, отдали это на усмотрение исполнителей. Они это делают, поверьте, с полной отдачей, понимая, что больше нигде Вы такого не получите. А Вы получили – и недовольны. Смотрите сами, хорошо ли это.

Последнее – о достоверности того, что получено и описано в интерпретации. Я это проверил, хотя не сомневался в достоверности.

Проверка состояла из нескольких этапов. Первое – я сравнил Ваш 27-маркерный гаплотип

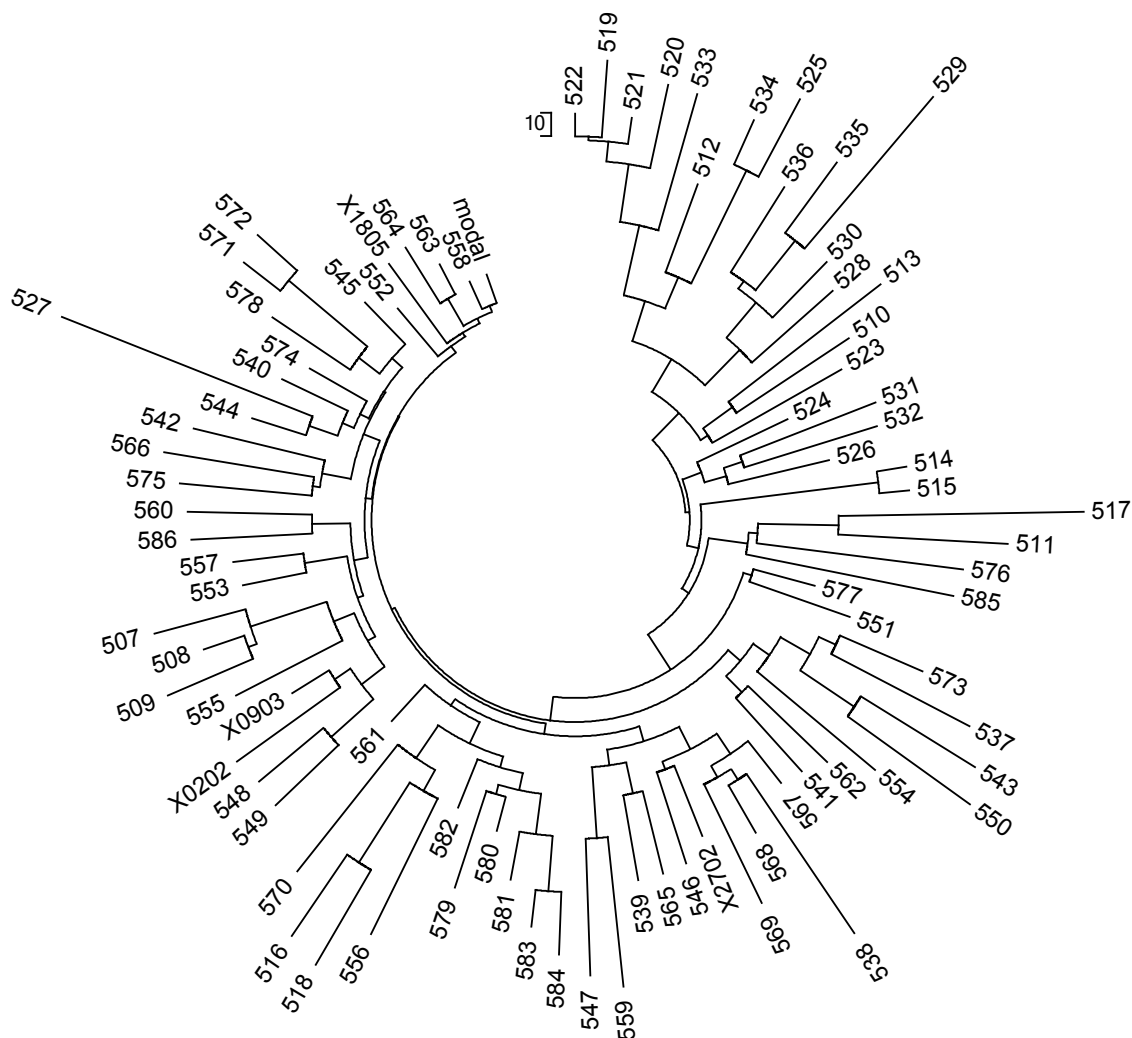
13 25 16 11 11 15 10 13 11 30 15 14 20 31 12 13 15 18 19 11 23 12 24 16 41 38-38

с гаплотипом недавнего заказчика в нашей Лаборатории, у которого оказался субклад R1a-Z92-YP569:

13 **24** 16 11 11 15 10 13 11 30 15 14 20 **32 11** 13 15 18 **21** 11 23 12 24 16 41 38-38

Обратите внимание на сходство гаплотипов – между ними всего пять мутаций на 27 маркерах, и впечатляет идентичность последних четырех маркеров (16 41 38-38). Они не входят в стандартный 23-маркерный гаплотип, дополняя его до 27-маркерного, и служат только для дополнительного сравнения гаплотипов, поскольку весьма чувствительны к мутационным изменениям. Расстояние в 5 мутаций между этими двумя гаплотипами соответствует временному расстоянию примерно в 1375 лет, то есть Ваш с ним общий предок жил примерно 690 лет назад, в первой половине 14-го века. Это - Шкрапкин Алексей Вадимович (EP16120903).

На втором этапе проверки я построил дерево 23-маркерных гаплотипов субклада R1a-Z92, которое включало Ваш гаплотип, под индексом X2702 (в соответствии с Вашим ID...2702). Ваш гаплотип – в правой нижней ветви, на 5 часов. Он входит в ветвь из десяти гаплотипов, из которых семь из России, по одному из Украины и Белоруссии, и один из США, штат Индиана (Charles Hanes). Понятно, что предок нынешнего американца – выходец из Восточной Европы, но это могло быть столетия назад.



На дереве гаплотипов большая ветвь справа вверху относится к субкладу R1a-Z92-Z685, вся остальная часть дерева, включая и вашу ветвь – к субкладу R1a-Z92-Y4459. Субклад R1a-Z92-Y4459-YP569, который для Вас определил автор интерпретации, находится еще на одну ступень глубже. Я бы столь глубоко не добрался, остановился бы на Y4459. Автор интерпретации это удалось, видимо, потому, что он использовал более детальное дерево 111-маркерных гаплотипов.

Вывод – с Вашей интерпретацией всё в порядке, определение субклада и анализ гаплотипа надежные. Если Вы хотите изучать свои ДНК-линии в больших деталях, связывать их с венетами и венедами, и изучать соответствующие разделы истории, советую обратиться к исторической литературе, это уже не входит в персональную интерпретацию.

Всего хорошего,

LETTER 287

I just find very surprising that some Europeans belong to haplogroup A , how is it possible ?

MY RESPONSE:

Easy. Either haplogroup A (then Europeoids) came to Africa thousands of years ago, or it used to be migrants from Africa, and they mixed with European women.

ПИСЬМО 288

Я хотел бы стать специалистом по интерпретации данных ДНК-генеалогии. Надо же рисковать и пробовать освоить это дело. Двумя имеющимися специалистами в мире (Вы и Игорь Львович) мы так в будущем не управимся. Надо потихоньку готовиться расширять круг возможностей вместе с развитием будущей сети структур, которые будут работать на Академию ДНК-генеалогии и её лабораторию. В общем, решил рискнуть и попробовать это сделать по классической Вашей схеме, рассмотрев гаплотип моего знакомого и определив для него гаплогруппу R1b-Z2103. Если будет время, прошу Вас ознакомиться и дать своё заключение с указанием на возможные ошибки. Можно даже опубликовать в Вестнике с разбором, если оно того стоит. В любом случае рассчитываю на Вашу критику.

МОЙ ОТВЕТ:

Ваше желание стать специалистом по интерпретациям понятно. Более того, Вы правильно назвали субклад, это R1b-Z2103. Правда, назвать неправильно было бы трудно, в России почти у всех носителей R1b субклад Z2103, если первая цифра 12. Тем не менее, это Ваш успех. Если было бы 13, задача резко усложнилась, поскольку это мог быть и Z2103 с такой мутацией, и десятки европейских вариантов.

Теперь что касается методологии определения - определение производится построением дерева гаплотипов с добавлением анализируемого гаплотипа, в данном случае 18-маркерного дерева. Для 23-маркерных гаплотипов должно быть построено 23-маркерное дерево, для других гаплотипов тестируемого - 25-, 37, 67, или 111-маркерное дерево, и все они должны быть заранее обкатаны. Это все берется из соответствующих баз данных, и так для всех гаплотипов. Подготовка к этому производится в ходе фактической работы в течение месяцев работы, у меня это заняло уже два года, и приходится обновлять данные время от времени, потому что базы данных расширяются.

"Для экономии времени и расходов на выявление своей подветви можно заказать анализ на снип к Z2103, а при положительном его результате на гаплотип L-23. Либо сразу заказать тестирование на L23, что в свою очередь повлечёт либо сокращение, либо увеличение расходов. "

Если Z2103 + совет надо было давать на более углублённые его ветви. А это не L23, а Z2103 > L277 (L584, STS682), т.е. нисходящие снипы от Z2103. Тут я вижу свою ошибку, если всё понял правильно. Если так, то можно безошибочно определить, какой снип нужно заказать для проверки. Для этого надо учиться строить ветви дерева.

МОЙ ОТВЕТ:

Да, это верно, Z2103 находится ниже L23, поэтому совет - если нужно проверить, надо сначала проверить Z2103, а ниже него там еще десятки снипов. Я не знаю, зачем в данном случае тратить деньги и искать нижестоящие к Z2103, и какую загадку это решит. Насколько понимаю, никакой конкретной. Например, носитель гаплотипа X0105 был уже счастлив, узнав, что у него Z2103, и что предки у него в знаменитой ямной культуре. А что дадут более глубокие снипы? Если только отвечать на какой-то важный исторический (или семейный) вопрос, на который ответа пока нет.

Наша лаборатория определяет снипы, но, как правило, самые поверхностные. Например, R1a-M198. Может определять любые, дело только в закупке праймеров, но таких заказчиков пока нет, чтобы оправдать закупки. Можем пойти по более современному пути, и делать сразу тысячи снипов в одном тесте, но для этого нужно 250 тысяч долларов на первые тысячу человек. Тогда будем делать только гаплотип, что примерно 80 долларов, и массу снипов за 250 долларов с человека. Как видите, это уже 330 долларов за тест. Если будут дотации в виде дополнительного финансирования, то появится смысл. FTDNA делает такой общий снип-тест (BigY) за 599 долларов, плюс цена определения гаплотипа.

ПИСЬМО 289:

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! Будьте здоровы.

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).

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.

Всего хорошего,

