

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy**

Boston-Moscow-Tsukuba

**Volume 11, No. 1
January 2018**

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

ISSN 1942-7484

Вестник Академии ДНК-генеалогии.

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии.

Издательство Lulu inc., 2018.

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, 2018.

При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2018

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Чубур и его команда. <i>А.А. Клёсов</i>	2
Из жизни хронофагов. <i>А.А. Клёсов</i>	28
<i>Анатолий А. Клёсов</i> . Прямая линия	60
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 91, письма 322-325.	149

Чубур и его команда

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Знакомьтесь, вот некто по имени Чубур. Это не кличка, это фамилия. Чтобы сразу снять вопросы, почему некто по имени Чубур удостоился чести быть извлеченным из толпы невежд и подвешенным за ухо для всеобщего рассмотрения, приведу несколько цитат «из Чубура», с комментариями, поскольку цитаты весьма дурно пахнут. Начнем с книги «Происхождение человека» (А.А. Клёсов, А.А. Тюняев, 2010, 1026 стр.). Я давно заметил, что «образованцев», типа А. Чубура или В. Лебедева ([«журналиста», проживающего в Бостоне](#)), эта книга почему-то приводит в неадекватное состояние. Правда, Чубур – единственный, кто выразил свое неудовольствие в конкретной форме, причем три раза, и сейчас посмотрим, чего его «критика» стоит.



Итак – «первый пошел», но это не цитата, а общее излияние словонедержания – «наваял на 1115 страниц о происхождении Гомо цапуса непосредственно в будущей Москве». В книге ничего этого нет. «Второй пошел» – то же самое, общий поток нездорового сознания: «книжечка – чистопородный расизм: из Африки пришли архантропы, в Московии народились неантропы (они же русы) – при скрещивании получились все остальные расы и народы, ну а русы остались высшей расой, поэтому их не любит весь мир...». Для тех, кто не знает значения (устаревшего) термина «неантропы», он пояснен в книге, в отдельном словарном разделе, понятие «Стадиальная классификация человека»:

«...более ранняя антропологическая классификация, рассматривающая эволюцию человека оторванно от его видов. В этой классификации человек последовательно прошёл все стадии от гоминид, через архантропов и палеоантропов до неантропов (анатомически современных людей). В видовой классификации каждой стадии соответствует несколько видов человека, кроме последней стадии – неантропа, которому соответствует вид Homo sapiens sapiens. Стадиальная классификация имеет соответствие также в последовательности археологических культур: гоминидам соответствует культура галек (олдувайская), архантропам – шель и ашель, палеоантропам – мустье, неантропам – верхний палеолит и последующие культуры».

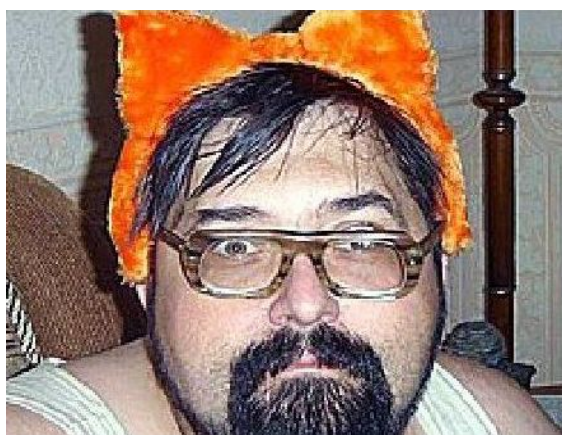
Никакого «неантропы, они же русы», там, конечно, нет. Это кандидат исторических наук Чубур придумал, видимо, чтобы было смешно. Про канделябры он, видимо, не подумал.

Но вот в отношении того, что «русов не любит весь мир» – это уже не просто поток сознания, это у Чубура идеологическая позиция, которую он давно демонстрирует. Вряд ли от того, он родился близ Киева и продолжает публиковаться в «громадянських» журналах. Это – не определяющий признак русофобства, которое Чубур настойчиво и вызывающе демонстрирует. Это всего лишь иногда сопутствующий, как и то, что «Громадянство передбачає певну сукупність взаємних політичних, соціальних та ін. прав та обов'язків». Видимо, обов'язкі, они же обязанности, как их понимает Чубур, то есть быть русофобом, стучат ему в сердце как пепел Клааса. Посмотрим на его картинку, которую он переносит с сайта на сайт:



370 млн. лет назад
древние Русы первые вышли на сушу

Недавно эта же картинка появилась на сайте Антропогенез, опять в очередном пасквиле Чубура, и ее там с удовольствием приняли. Что, конечно, удивления не вызывает, зная, кто там обитает, а именно Соколов, Дробышевский, Боринская и прочая команда русофобов. Описание места работы и должности автора там следующее: «*Директор Научно-образовательного центра комплексного изучения Среднедеснинского региона БГУ*». БГУ – это, конечно, не Белорусский государственный университет, это Брянский, в недавнем прошлом пединститут. О творческом пути «директора центра комплексного изучения среднедеснинского региона» мы еще расскажем. А вот, кстати, и фото директора, прошу любить и жаловать.



Но вернемся к «критике» Чубуром книги «Происхождение человека». С двумя «положениями» мы уже разобрались, это ерничество и стеб, потому что сказать «критику» нечего. Но это как обычно. Теперь – «третий пошел»: «...Клесов и Тюняев намеренно используют при сравнении плотности древнего населения с одной стороны данные продолжающегося издания «Археологическая карта России» с перечислением всех открытых к настоящему времени памятников археологии в тех или иных регионах страны, а с другой стороны – для центральной и западной Европы – карты из обобщающих трудов Монгайта. Тем самым доказывается якобы максимальная плотность древнего населения в районе Тверской и Московской областей, по Тюняеву – центра мирового антропогенеза».

А вот как в книге – в ней издание «Археологическая карта России» процитировано только один раз, на стр. 800-803:

Для продолжения повествования следует привести цифры открытых стоянок (археологических памятников) неолитом (то есть анатомически современными людьми – ААК) в каждом рассматриваемом регионе.

Дата, тысяч лет до н.э	Регион									
	Русская равнина	Европа	Ближний и Восток	Африка	Средняя Азия	Сибирь	Индия	Китай	Австралия	Америка
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
50	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
40	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
30	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	50	7	3	0	0	3	0	0	0	0
15	50	7	1	0	0	4	0	0	0	-
10 – 9	3133	-	-	0	0	6	0	0	0	-
8 – 4	10924	2102	529	54	567	183	7	8	0	-

Таблица 25.1. Динамика памятников, оставленных неолитом в разных регионах планеты. Прочерки стоят там, где преемственность археологических культур указывает на неандертальское либо симбиотическое происхождение носителей. Нулевое значение означает отсутствие открытых памятников неолита в указанном регионе.

Таблица составлена на основании анализа нескольких тысяч источников, проведённого в работе [Тюняев, 2009]. Данные по памятникам Русской равнины получены из многотомного научно-справочного издания Института археологии РАН «Археологическая карта России» (далее «Карта»). Карта сформирована отдельными томами, свёрстанными по областям Центральной России. На каждую область обычно приходится по два тома. На некоторые области – по одному. Количество памятников Московской области уместилось в четыре тома. Все памятники, входящие в каждую из карт, пронумерованы в пределах соответствующей области. В конце каждого тома

имеется хронологический указатель, в котором приведённые в данном томе памятники разбиты по археологическим эпохам и, позже, по хронологическим интервалам. Количество известных и опубликованных в Карте памятников, естественно, не одинаково по разным областям. Так, выпуск «Тульская область» (1 и 2 части) содержит сведения о 1722 памятниках. Выпуск «Владимирская область» – 819 памятниках. Выпуск «Тверская область» (1 часть) – 1230 памятниках. Здесь стоит дать пояснение, что такое памятник. Это и стоянка, и местонахождения артефакта (для палеолита), и могильник, и город (для средневековья), и селение и т.д. Памятник следует отличать от единичной находки (например, бусина или характерная раковина). Возможно, Таблица 25.1 вызовет у неспециалистов недоумение в отношении Африки – как это так, человек вышел из Африки, а памятников нет. Собственно, поэтому среди антропологов теория о выходе человека из Африки встречает напряжение и сопротивление. Памятников ранее 9 тысяч лет до н.э. там действительно не найдено. Можно сказать так: в таблицу вошли памятники, надёжно отождествлённые специалистами с неантропами. Можно так: в таблице указаны памятники, оставленные неантропами после их возможного выхода с территории Африки; факт отсутствия памятников в Африке объясняется полным исходом носителей – но это объяснение практически нереально. Можно так: в таблице указаны памятники, только начиная с эпохи верхнего палеолита, поскольку дискуссии по поводу достоверности связи африканских пресapiенсов и европейских популяций неантропов ещё не обрели чётких решений. В целом же объяснение ещё проще – авторы приводят в таблице только те памятники, которые достоверно подтверждены специалистами. В отношении африканских памятников имеется крайне различная и неудовлетворительная степень их достоверности. Совершенно невероятно, чтобы какое-либо научное учреждение в России или на Западе дало список памятников верхнего палеолита или среднего палеолита Африки, с указанием, что эти памятники оставлены неантропами. В крайнем случае – с раннего неолита или позднего мезолита. Достоверных отсылок к неантропам Африки просто нет.

По оценкам археологов, число уже открытых на сегодня археологических памятников составляет от 30 до, скорее всего, 20 процентов от всего их числа. В нашем распоряжении имеется высоко репрезентативная выборка археологических памятников, подготовленная специалистами в данной области. Ими же датированы памятники. Поскольку издателем данного Труды является Институт археологии РАН, то это придаёт максимальный статус доверия к Картам, как к источникам данных для дальнейших исследований. Насколько нам известно, подобных трудов в других странах не издано.

Смотрим «критику» Чубуром. Да, таблица содержит данные «продолжающегося издания «Археологическая карта России» по разным регионам планеты, «с перечислением всех открытых к настоящему времени...», это верно. Да, вполне возможно, что для Европы приведены данные «из обобщающих трудов Монгайта», а в чем проблема-то? Что, его данные неправильны? Или неполные? Они же по «критике» –

«обобщающие труды». Возможно, там, у Монгайта, что-то не так, что-то не учтено, возможно, появились новые данные, ну так и надо написать. Дать правильные данные по Европе. Показать конкретно, что не так. Но так Чубур не пишет, данные не показывает, у него, как обычно, словонедержание. Что-то мы «намеренно» делаем, а что – не говорит.

Теперь перейдем к последней фразе «критика» в данном пассаже – *«Тем самым доказываемся якобы максимальная плотность древнего населения в районе Тверской и Московской областей...»*. Опять у Чубура проблема – это не мы «доказываем», так свидетельствует «Археологическая карта», как процитировано выше. Только Чубур и здесь напутал – в Тверской области процитированное количество памятников 1230 (правда, только по 1-й части издания), а в Тульской – 1722. Но, собственно, в чем проблема? В книге ведь дана просто цитата из издания «Археологическая карта», никаких выводов из этого не делается. Ничего не «доказывается». А что там «по Тюняеву» – ни ко мне, ни к книге не относится. Это, видимо, выхвачено из чего-то другого, но «намеренно», пользуясь словами «критика», пристегнуто к книге, хотя там ничего такого нет. Но это опять как обычно, когда аргументов нет, но очень хочется, то в дело идут передергивания, подтасовки, ложь.

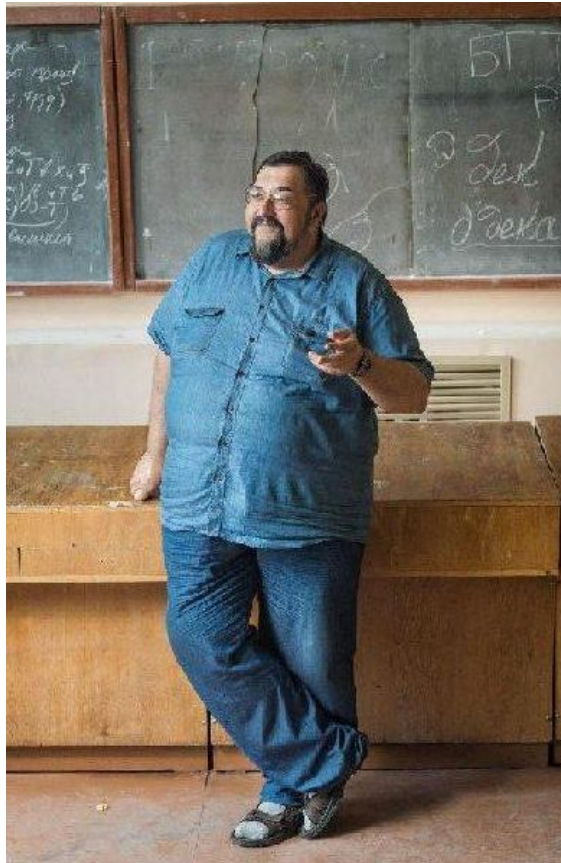
Итак, «профиль, да и «анфас» Чубура уже вполне обрисовываются. Русофоб и лжец, обычный набор. Поехали дальше, нас ждут интересные сведения. Как себя описывает Чубур в сетевых дискуссиях, обычно заряженных ложью и передергиваниями: *«как историк и как географ отвечаю...»*, *«биологическое высшее образование имею...»*. Замечаете систему? Чубур постоянно раздувает зоб, чтобы придать значимость своим словам в дискуссиях. Никакого «биологического высшего образования» у него нет. Вот – сведения из справочника по Курской области – *«Выпускник естественно-географического факультета Курского государственного педагогического института (1988). Заочно закончил же и «всесоюзную школу» «Базис» «по нетрадиционным направлениям науки и практики» (факультет «уфологии») (1991)»*. И далее – *«В 1993 – 1994 гг. – руководитель Курской областной организации Либерально-демократической партии (В.В. Жириновского)... отклонён от депутатства в ней лидером партии... Ныне создал и обновляет личный сайт в Интернете, предвзято-антипутинского содержания»*.

На самом деле не антипутинского, а антироссийского содержания. Берем навскидку цитату – *«...Это всем выгодно – и Молдове, и Румынии, и Украине, и Приднестровью. Только Раша в полете снова будет»*. Нужны ли комментарии?

Дальше – тоже интересно. Защитил ...докторскую диссертацию по отечественной истории (*«Древнекаменный век бассейна Десны: историографический и источниковедческий аспекты изучения»*, 2005; место защиты последней – Российский государственный социальный университет

(бывшая московская партийная школа), к археологии отношения не имеющий; ВАК РФ сняла его последнюю диссертацию с рассмотрения по причине фальсификации апробационных документов соискателем).

Славный диссертант. Опять фальсификации. Видимо, характерный стиль Чубура. Хотите еще? Их есть у меня (все со ссылками): С 1995 г. самостоятельно проводит археологические разведки (прежде всего памятников каменного века и костных остатков сопутствующей им фауны) в Курской, затем Липецкой и Брянской областях... Курчатовский период его работы кончился конфликтом с городским краеведческим музеем, часть фондов которого он самовольно вывез в Брянск, куда переехал на новое место жительства. Самовольно же некачественно раскопал Монастырище – археологические следы Лыпиновской пустыни XVIII в. у с. Липина Октябрьского района Курской области, тем самым сделав невозможным научное изучение этого редкого памятника региональной культуры. Вообще его полевые экскурсии в непрофильную для палеолитоведа древнерусскую тематику производят впечатление авантюризма.



Хороший же автор на сайте Антропогенез, да еще пассионарный русофоб. Там такие, видимо, ценятся. Но переходим к его «критике» ДНК-генеалогии. Нет нужды сообщать, что он в ней ни бельмеса не понимает. А поскольку не понимает, то «критика» его бессодержательна. Ничего конкретного, никаких цитат, никаких встречных пояснений,

гипотез, не к ночи будет сказано, ничего нет. А если что есть – там хоть святых выноси, примеры ниже. Просто опять тягучее (или жидкое) словонедержание. Вот, например, что мои работы *«в корне противоречат всем остальным данным антропологии о появлении человека современного типа»*. И каким же это, интересно, данным антропологии они противоречат? Что «человек произошел из обезьяны»? Или, наоборот, что в обезьяну деградировал, как некоторые антропологи утверждают? Но не может сказать Чубур, не знает он. Просто словонедержание. Про «все остальные данные» он просто не в курсе.

Дальше тоже забавно – *«есть усредненная скорость мутаций, от которой и пляшут, но она достаточно условна, это не радиоуглерод. Она может быть разной в разных ситуациях»*. Мало того, что Чубур не знает, что радиоуглеродные методы имеют серьезные ограничения, и в таком контексте писать о них неуместно, но он еще не понимает, что «усредненная скорость мутаций» не может быть «разной в разных ситуациях», и она вовсе не условна. Во всяком случае те, которые используются в ДНК-генеалогии. Я это пояснял много раз, и желающие могут прочитать это на Переформате, или в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия». Это примерно так же, как написать, что время полураспада радиоактивных изотопов «достаточно условно, и может быть разным в разных ситуациях». И хочется Чубуру публично демонстрировать свою безграмотность? Кто его за язык тянет? Тайна сия велика есть.

Чубур делится с сетевыми участниками дискуссии – *«все Европейские гаплогруппы (включая R1a характерную в частности для славян, балтов и германцев и части финно-угров) к возникновению данного вида (Homo sapiens – ААК) отношения... не имеют»*. Уй, молодец, раскрыл всем глаза. R1a образовалась всего примерно 20 тысяч лет назад, какое там происхождение Homo sapiens?

Ему сетевой участник сообщает про [Всемирную академию наук и искусств](#), которая была основана А. Эйнштейном, и ее первый состав был в основном нобелевские лауреаты, а Чубур отмахивается – *«а академия – ну очередная общественная организация, таких копейка штука, пятачок пучок. Уровень ее значимости мне неизвестен, но явно не всемирный»*. Но если неизвестен – посмотри в сети или вебсайт, stupid.

Сетевой дискуссиант ему возражает – *«мутации в ДНК это, по сути, химические реакции, а Клёсов – специалист по скорости этих реакций»*. Чубур, наш пострел, и здесь поспел – *«мутации – химические реакции?»*. И начинает раскручивать эту тему, ничего в ней не понимая. Когда ему возражают, включает «аргумент» – *«вы химик?»*. Другой вторит – *«...пусть мутации – химические реакции. Однако считать мутагенез разломом биохимии, думаю, можно лишь с очень большой натяжкой – всё-таки очень специальная область»*. И никому невдомек, что химия здесь вовсе не

при чем. Как и в расчетах времени полураспада радиоактивных веществ – хотите, назовите физикой, хотите – химией, хотите – хоть горшком, только в печку радиоактивные материалы не ставьте. Вообще эта страсть дилетантов привязывать всё на свете к названиям научных дисциплин – только для дилетантов. Так же и в отношении ДНК-генеалогии – сколько споров, ломаний копий, генетика это или «генетическая генеалогия», или «популяционная генетика», или что-то другое. Да ничего из перечисленного, это самодостаточное научное направление. Жонглирование названиями – это квазинаучное убожество, ничего это не дает. Дает конкретная научная работа, ее методология, ее результаты, выводы и заключения.

Называть мутации в Y-хромосоме, например, превращение тимина в гуанин (T>G), или цитозина в тимин (C>T), или гуанина в аденин (G>A), химическими, конечно, можно, поскольку при этом происходит перестройка химических связей в молекуле нуклеотида. Но так называть вовсе не обязательно, как и называть превращение одного радиоактивного изотопа в другой, который можно называть или химическим, или физическим превращением. Уходить в такую дискуссию – это только забалтывать вопрос, а забалтывать – это стихия для чубуров. На самом деле ДНК-генеалогия не занимается мутагенезом, и рассуждать об этом – это опять забалтывать, что есть страсть дилетантов и их основное времяпровождение. ДНК-генеалогия занимается скоростью мутаций, то есть скоростью их появления в Y-хромосоме. Например, если в выборке из 100 носителей определенного гаплотипа (например, в 25-маркерном варианте) 32% имеют одинаковый для всех гаплотип, а в остальных 68% прошли мутации, то методами ДНК-генеалогии в один ход можно рассчитать, что общий предок этой сотни гаплотипов жил примерно 625 лет назад. Как это рассчитать – описано в любой из моих книг, наиболее подробно – в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (2016), и [в курсе лекций по ДНК-генеалогии](#). Ну и какая разница, как это называть – химией, физической химией, физикой или чем-то другим? Любят же наши дискуссионщики «шашечки», а надо ехать. Ехать же они не могут, не умеют.

Опять в сетевую дискуссию влезает Чубур и несет ахинею, как обычно – *«Беда ваша в том, что вы изменение структуры ДНК или РНК называете химической реакцией. Это раз. Ну и с точки зрения микробиологии – мутации это уже не химическая реакция однозначно»*. При чем здесь «изменение структуры ДНК или РНК»? Структура нуклеиновых кислот – это вообще другой уровень вопроса. А микробиология здесь вовсе не при чем, мутации, которые там рассматривают – это мутации в генах. Да и вообще – мы о Y-хромосоме, а Чубур – о бане.

И далее Чубура понесло – *«скорость накопления мутаций не постоянная величина, она зависит от массы внешних факторов – например от такого*

мутагенного фактора, как радиационная обстановка (а она различна даже в разных широтах, не говоря о том, что серьезно колеблется со временем), а также внутривнутрипопуляционных факторов (например замкнутости или открытости популяции)...». Здесь что ни строка – это Чубур как в лужу крикнул. Он, видимо, это откуда-то списал, а там речь шла о мутациях в генах. И дальше этот профан, оттопыривая губу, советует кому-то из своих оппонентов – «В порядке просвещения почитайте ниже», и далее – две страницы текста, списанного из учебника по генетике, глава «Классификации мутаций».

И опять, оттопырив губу, сетевому оппоненту – «...кто вам сказал, что биохимия может учесть например флуктуации радиационной обстановки (в том числе космического излучения) в течение длительных периодов? Ну я уже понял что разговор с вами беспредметный, живите дальше в своем мире». Ахинея за ахинеей. Так и не понял незнайка Чубур, что «радиационная обстановка» в ДНК-генеалогии совершенно не при чем, длительные периоды или любые другое. Не работает ДНК-генеалогия с генами, а гаплотипы в Y-хромосоме радиации не замечают. Потому что скорее их носитель от радиационных мутаций в генах заболит и умрет, и потомства по этой скорбной причине не оставит. Так что в выборки в виде потомства не попадет.

Когда в дискуссии его прижали, он стал нести что-то невразумительное – «именно при идеальных условиях можно просчитать скорости». Каких «идеальных» условиях – не сказал, скорости чего – не сказал, но, наверное, мутаций. Мутаций в чем – тоже не сказал. Но тут же его понесло в другую сторону – «...а если учесть колебания напряженности магнитного поля и, на ранних фазах человечества, геомагнитные инверсии...». О, да, вот пусть и учитывает. Как говорится, что бы ни говорить, только не говорить.

Еще одна сторона активности Чубура достаточно красноречиво передается следующим его плакатом. Комментировать не буду, иначе придется прибегнуть к терминам профессиональной психиатрии:



Но я обещал еще немного по бурной деятельности Чубура на грани уголовного кодекса, или даже за гранью. Вот – копия части главной страницы газеты «Президент».



Владимир Путин
Президент России

[Сайт Президента России:](#)

[23.12.2016: Большая пресс-конференция Владимира Путина](#)



[Флаг РФ](#)

Чёрный копатель, вор и фальсификатор Чубур сеет русофобию

24 июля 2013 | Президент, Политика, Россия, История России, Дети



Сегодня российскому обществу целенаправленно вместо науки вливают религию. Зато науку дискредитирую и разваливаю по всем швам. Кого только не привлекают к этому малопочтенному занятию! Редакция газеты «Президент» показала любопытный материал, опубликованный сразу на нескольких сайтах. Предлагаем эту публикацию нашим читателям.

А судьи кто? Этот классический вопрос из знаменитой комедии Александра Сергеевича Грибоедова «Горе от ума» был и остаётся актуальным спустя два столетия.

Потому что жив курлик, не просто возмивший себя судьей российских историков, но и походы разжигающий межнациональную рознь. Зовут этого человека Артур Чубур, и проживает он в городе Брянске, откуда периодически лает и скулит не по существу и не по делу. Чтобы читателю было ясно, что к чему и почему, нам не обойтись без подробной предыстории, изобилующей почти детективными подробностями.

«Учёный», обокравший городской музей

Год назад на многих сайтах Рунета появился сенсационный материал «Артур Чубур – брянский дубликат Мавроди».



№ 14, апрель 2014 г.

[Архив газеты «Президент» .pdf](#)

[Деловой клуб Президент](#)

[Моя - дилемма прогресса](#)

[Эхо наших публикаций](#)

[Важны конкретный результат](#)

[Неизвестная Луна](#)

[О загадочной физике времени](#)

В середине страницы – [статья о Чубуре](#). То, что он русофоб – не один я, стало быть, заметил. Но он, оказывается, и фальсификатор, и вор, и «чёрный археолог», и «брянский дубликат Мавроди»... Чёрные археологи, как известно, это люди, осуществляющие нелегальные археологические раскопки и преступно сбывающие находки. Ладно, кому надо – найдут и газету, она есть в сети, все номера, и сам текст, и более подробные сведения о Чубуре.

И вот такой экземпляр настолько обнаглел, что со своими инсинуациями себя чувствует как рыба в воде. Что не удивительно, нашел место под крылом печально известного сайта Антропогенез, и даже выступает с лекциями на конференциях «Ученые против мифов». Занятно, не так ли? Там уже клейма ставить некуда, а он в «борцы» подался. Что-то роднит его с Боринской, и не только в буквальном смысле. Но и в смысле околонучной деятельности, благодатная сфера. Вольготно там проходимцам. Раньше, в 1930-е, таких в «тройки» набирали. Сейчас времена другие, но пепел в сердце стучит, и науку решил чистить, представляете? Как он ее «чистит», мы видим. Выступая от имени «русской исторической науки». Вот это и есть «команда» Чубура – Дробышевский, Соколов, Боринская. Тройка и есть. Хорошая команда, в чем-то сплоченная, и мы даже знаем, в чем.

Наконец, посмотрим, а какое моральное и научное право Чубур имеет выступать «борцом за чистоту» науки. Как обычно бывает, в таком качестве выступают проходимцы, и здесь пока все сходится. Осталось выяснить, какую роль Чубур играет в науке, более определенно – какая степень его вхождения в научные информационные потоки. Еще более определенно – какая цитируемость у этого «ученого», с позволения сказать. Открываем [сайт Google Scholar, смотрим](#). Да, не густо для кандидата наук, хотя и пединститута. Две ссылки на статью 1998 года, и две на статью 2003 года, и всё. Индекс цитируемости равен 2. Это – меньше ординарного аспиранта. В качестве утешительного заезда смотрим цитирования на русском языке. Там – больше, но в основном самоцитирования. На первом месте статья «Роль мамонта в культурной адаптации...», 12 цитирований, из них 7 – сам на себя. Далее статья с 9 ссылками, из них 7 на себя. И так далее, индекс цитируемости 6, если забыть про то, что в основном сам на себя. Под запятую можно упомянуть, что тот, кого он «критикует», имеет цитируемость первой работы в списке 513 ссылок, и индекс цитируемости 27. Из этих 513 ссылок – ни одной моей, то есть на самого себя. Индекс цитируемости 27 означает, что на 27-ю статью в списке имеется 27 ссылок, и на этом список положено останавливать. Потому что на 28-ю статью уже меньше, чем 28 ссылок.

Вывод? Он очевиден. Что Чубур, что его команда – люди, от науки далекие, но одержимые страстью «критиковать», обвинять, судить. Далекие они от науки не только в отношении того, что почти никто их не цитирует в научных публикациях, но и потому, что ментально далеки они от науки. Но покровителей быстро находят, в тех же русофобских кругах. Покровители не обращают внимания на то, что от науки члены «команды» далеки, зато они идеологически близки. Хотелось бы верить, что рано или поздно эффективные меры в этом отношении будут приняты. Какие меры? Да обычные, разумные, гнать их с работы известной метлой.

Комментарии к статье (на Переформате)

Николай Чубрик говорит:

[24.02.2017 в 04:23](#)

Вы ещё его стихи про унитазаы не читали – талантище :)

*Возмущенно краны захрипели,
И в ночи икает унитаз.
Сушит их, ей-богу, как с похмелья.
Без воды им явно не до нас...
По ночам воды нам не хватает,
Правда водки хватит всем сполна...
Ну а ночь-то звездная какая!
Это видно даже из окна ☺*

Парфирий говорит:

[24.02.2017 в 10:18](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Ваши статьи с “препарированием” русофобов ничуть не менее интересны, чем статьи по ДНК-генеалогии.

Сергей говорит:

[24.02.2017 в 12:28](#)

Всё верно, жаль только уважаемый Анатолий Алексеевич не привел в пример фрагмент дискуссии ВКонтакте, она показательна и общедоступна. Приведу в комментарии. Фрагмент дискуссии 2013 года из ВК по теме норманской теории, участники:

Артур Артурович Чубур. Археолог, кандидат исторических наук, директор Научно-образовательного центра комплексного изучения Среднедеснинского региона Брянского государственного университета имени И.Г. Петровского. Сфера научных интересов – палеолит Восточной Европы, история археологии, плейстоценовая мегафауна. Информация с соколовского антропогенеза.

Александр Владимирович Голубев <http://iriran.ru/?q=golubev>

Геннадий Анатольевич Ковальцов (астрофизик – модератор, испорченный норманизмом).

А.В. Голубев (ИРИ РАН): Ну, если читать Клейна, Мельникову, Джексона и пр., то такого, карикатурного “норманизма” действительно нет. Но в интернете, среди молодого поколения археологов, да и просто “интересующихся” – ой как есть, чему немало примеров даже и в этой группе, и в этой теме.

Геннадий Ковальцов: Александр, тоже нет. Просто в пылу полемики перегибают.

Голубев: Геннадий, это если раз или два – в пылу. А если твердо и убежденно? Причем эта-то группа еще понормальней будет... а в других...

Артур Чубур: Геннадий, как я уже говорил: русы – интернационал средневековых “братков”, однако на скандинавской основе. Как я тоже говорил и повторю: люди меча и кошелька. Если для кого-то этот образ карикатура – это его проблемы. И так или иначе государство строили на славянских землях именно эти ребята – оно было нужно им и нафиг не было нужно славянам и всякой чуди, спокойно обитавшей в родовых гнездах и лесных деревеньках. Что до ходивших на Балканы славян и всяческих антов, то к моменту запуска процесса государствогенеза от этой воинственной братии хазары оставили одно воспоминание, а прочих обложили данью. Подданные, как известно, сами государств создавать не в состоянии.

Голубев: Геннадий, ну вот, убедились? Подданные государств не создают... т.е. все, скажем, успешные нац.-освобод. движения во всем мире – антинорманистский миф? Впрочем, я не утверждаю, что именно этот аргумент применим конкретно к истории Руси (но и не исключаю). Самое смешное, что ровно такую же точку зрения насчет “руси” я слышал несколько лет назад от самого ненавидимого норманистами антинорманиста Фомина – конечно, помимо скандинавской основы...

Чубур: опять оппонент, похоже, путает мягкое и красное. Для того, чтобы создать свое государство следует освободиться как минимум от колонизаторов. Я хотел бы услышать примеры национально-освободительных движений у славян IX века. Они от крышевавших их хазар особо уходить не желали под крышу Хельги и его воевод. Тех же северян русам пришлось не только уговаривать платить дань новой крыше, но еще и побеждать, перед тем как переключить финансовые потоки с Хазарии на себя. Разве что если оным “освободительным движением” считать бардак, устроенный ими и в итоге приведший к

необходимости призвания варягов и официального предложения им властвовать над собой. А что до Фомина, ну так кто же его ненавидит-то? Он местами просто жалок, хотя это не означает, что он неправ совершенно во всем (нет людей неправых от начала до конца, даже проходимец Тюняев и тот пишет неплохие детские стишки). Его главное несчастье – попытка очень патриотично, с запахом кваса и дрожжей напрочь отрицать скандинавский фактор, который не виден и масштабы которого непонятны только слепым и тупым. Ну и конечно чисто так по-задорновски сочинять каких-то славян-варягов (это при том-то, что само слово “варяг” имеет шведское происхождение). Если пара-тройка таких прибывалась к дружине в качестве солдат удачи – погоды они не делали в принципе.

Голубев: Ну существует, например, версия о восстании Вадима... или об изгнании варягов перед призванием Рюрика... но я-то писал о другом. Меня возмутила мысль насчет подданных вообще – но, очевидно, оппонент таковыми согласен считать лишь славян, к остальным народам и племенам сия инвектива не относится. Ну еще шажок – славянин изначально означает “раб” (есть такая филологическая теория).

Чубур: Есть такая теория, причем окончательно рядом филологов не отвергнутая как бы нам ни хотелось обратного. Подданный есть платящий дань – то есть входящий в иное государство, подчиненный ему. И наличие собственных госструктур тут возможно только если оные существовали еще до обложения данью – так платившие выход в Орду княжества были реликтами Киевской Руси. У славян времени на государство нет – сначала готы со своими “королевствами” – сложными вождествами (протогосударствами), затем гунны с Аттилой и без него (смерть вождя вовсе не мешала их бандам шастать по лесам, жечь хутора и уводить оттуда девок и деток, что не успели убежать в лес – себе на забаву и на продажу. Не успели эти рассосаться – новая беда: обры. Ну эти хоть в леса особо не лезли. Но представить себе государство, базисом которого являются хуторки по 1-4 усадьбы с тесными и вонючими полуземлянками в густом лесу, увольте, не могу. А городов и даже протогородов у славян в то время нет как таковых. Не до городов. Не до государства. Они друг друга то обоснованно побаивались – о каком уж объединении речь. Ну вот наконец формируются племенные союзы (замечу что в будущей юго-восточной Руси их формируют хоть и славяне, но пришлые с запада – вот бы где Фомину развернуться, да-с) – но от родоплеменного союза до полноценного государства дистанция велика – как от каракулей Кибальчича до ракеты Р-7. Вождества – да. Но ничего похожего на государства нет. Земли северян, вятичей, радимичей – окраина Хазарской империи (с соответствующим культурным влиянием, читающимся археологически очень ясно), северней – лесная вольница.

Голубев: У меня есть длинный ряд аргументов по поводу Руси, но, как я уже убедился, от оппонента они отскакивают. Я, ведь, собственно, оспорил конкретную фразу “Подданные, как известно, сами государств создавать не в состоянии”, причем в общеисторическом смысле. Ответа не получил. Засим пока.

Чубур: ну раз отскакивают – значит легковесные. Государства созданные подданными с нуля можно увидеть? Или сначала таки следует перестать быть чьими-то подданными? Ответа я так и не увидел.

Голубев: А может, стена твердая...

Чубур: мягкие стены неустойчивы

Конец дискуссии. ([ссылка](#))

Надо отметить, что А.В. Голубев никакого отношения к антинорманистам не имеет, как и к норманистам, в отличие от Чубура – яркого норманиста, у которого любимое слово “фрик”, которое он громко кричит во всех сетях в адрес оппонентов. Хотя, если судить по фото и опусам в сетях, он является одним их представителей этого явления. Определение понятия “Фрик” из Википедии: *Фрик (англ. Freak) – человек, отличающийся ярким, необычным, экстравагантным внешним видом и вызывающим (зачастую эпатажным) поведением, а также обладающий неординарным мировоззрением, которое является результатом отказа от социальных стереотипов.* В общем, как обычно, кто больше всех кричит, тот им и является, это и в контексте “борцов с лженаукой”.

Anton говорит:

[24.02.2017 в 19:14](#)

Rusofobi ali zakompleksanci?

Вазген говорит:

[24.02.2017 в 21:56](#)

Есть одно замечание: фото пациента нужно было оставить на сладкое))

Виктор говорит:

[24.02.2017 в 22:36](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! А как Вы относитесь к “Комиссии по борьбе с лженаукой”? К лету готовят мозговую информационную атаку – “ГМО это превосходно!”. Из достижений комитета: мощнейшая

дискредитация фильтров изобретателя Петрика, не заявлявшего на научность своих работ, уже организованная атака на директора Курчатовского института ([ссылка](#)), выступление Ковальчука о мировых научных тенденциях 21 в. – [ссылка](#).

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.02.2017 в 19:57](#)

>> А как Вы относитесь к “Комиссии по борьбе с лженаукой”?

Отношусь резко отрицательно, видя, в каких формах это реализуется. Во-первых, никакой «лженауки» в том, что рассматривает эта комиссия, нет. Пока комиссия выпустила два меморандума по «лжеженауке»: №1, по дерматоглифическому тестированию, и №2 – по гомеопатии. Ни одно из этих направлений на научность и не претендовало. С таким же успехом далее могут последовать меморандумы №3 – о гадании на кофейной гуще, №4 – о шаманизме, №5 – о вуду, в частности, о протыкании иглой куколок, изображающих конкретных людей, №6 – о Библии с Евангелиями, и так далее.

Характерно, что в «Положении о Комиссии РАН по борьбе с лженаукой и фальсификацией научных исследований» среди многих пунктов нет определения, что такое «лженаука». Первым пунктом идет – «1.1. Комиссия РАН по борьбе с лженаукой и фальсификацией научных исследований организована в целях противодействия дискредитации науки, распространению и пропаганды лженаучных публикаций, противодействия лженаучной деятельности и для пропаганды научных знаний и достижений». Под это можно подвести что угодно, что по каким-то причинам не понравилось активистам комиссии. Т.Д. Лысенко был бы счастлив возглавить эту комиссию, или хотя бы быть ее консультантом.

Примеры мы видим. Испугались Балановские, что их вытесняют с делянки, что мы показываем порочность их примитивных и во многом ошибочных подходов попгенетики, тут же забегали, организовывая сторонников, и обвиняя неудобную им ДНК-генеалогию в «лженаучности». Тут и Клейн подоспел, которого раскритиковали в том, что он использовал ошибочные выводы попгенетики, и тут же, после признания, что ошибся, «доверился», он пишет статью в материалы «Комиссии по лженауке», что ДНК-генеалогия – «лженаучна». Потому что ему оградиться надо от последующих указаний на его провалы, а провалов у него много.

Нет вообще «лженауки», как и осетрины второй свежести. Наука – это гигантское поле экспериментальных данных и наблюдений, интерпретаций, гипотез, теорий, которые огромным потоком сливаются в научные журналы. В этом поле – весь мыслимый диапазон от

откровенно ошибочных положений, подтасованных и фальсифицированных данных, до выдающихся научных работ. Причем переходы в этом поле плавные, без резких скачков, от жульничества до гениальных работ. А. Эйнштейна тоже обвиняли в том, что он «лжеученый». Лысенко обвинял в лженаучности своих противников, а они, когда взяли верх, обвиняли в лженаучности уже самого Лысенко. Мы недавно подробно разбирали «широкогеномную генетику», на примерах статей, опубликованных в журнале Nature. Псевдонаука? Во многом да, тем более что маскируется под науку. Но, с другой стороны, это путь проб и ошибок, который проходит любая наука. Отличие с «широкогеномной» в том, что там включился огромный коррупционный механизм, от многих десятков авторов статьи, которые закрывают все поле специалистов в данной области, и тем самым производится впечатление достоверности, до фактического отсутствия рецензирования статей. Вот что должно быть предметом внимания «Комиссии по лженауке», но она для этого бессильна. Именно по причине охватывающей коррупции.

Меморандум по гомеопатии содержит следующую ключевую фразу: *«Комиссия заявляет, что лечение сверхмалыми дозами различных веществ, применяемое в гомеопатии, не имеет научных оснований»*. Да, не имеет. Но многое чего не имеет. Гадание на кофейной гуще тоже не имеет научных оснований. Но к лицу ли этим заниматься Комиссией при Президиуме РАН? В США тоже не так давно гомеопатию рассматривали, но не Национальная Академия наук (это было бы смешно), а Торговая Комиссия. Есть разница? Причем главный вывод Торговой Комиссии США был о надлежащем маркировании упаковок с гомеопатическими препаратами.

Меморандума по дерматоглифике я в материалах Комиссии не нашел, видимо, там нумерация началась с «Меморандума №2». Но материалы есть, есть подробное сообщение Боринской на конференции «Ученые против мифов», из чего становится ясным, как готовилось решение по «лженаучности» дерматоглифическому тестированию. Ясно, что никакой науки там нет и не было, как, соответственно, «лженаучности». Но для того, чтобы усилить эффект, Боринская, которая готовила материалы для Комиссии, применила откровенную ложь, что для нее характерно. Она объявила, что дерматоглифика в обманной рекламе определяет по тесту «женское счастье», и потому там для тестирования выстраиваются очереди. На самом деле соврала опять. Это женский сайт назывался «женское счастье», не тестирование. И на этом сайте рассказывалось о тестировании. Никакого «женского счастья» тестирование не предлагает. Но для Боринской врать – как дышать.

При чтении материалов Комиссии по «лженауке» и ее консультантов складывается представление, что борьба с «врагами народа» 1930-х годов

повторяется и приобретает новые формы. Активисты остались теми же, просто надели новые личины. Боринская – среди них, и мстительно суется, выбирая «врагов народа». Выступает на конференциях, показывает лживые слайды, на которых сплошные передергивания и ее фантазии, которые выдаются как за якобы цитаты «врагов народа». На Переформате об этом будет отдельная статья.

>> К лету готовят мозговую информационную атаку – “ГМО это превосходно!”.

Проведу аналогию. «Этанол – это превосходно». Действительно, есть много достойных напитков на основе этанола. Но этанол бывает разный, как насчет древесного спирта? Тоже для напитков превосходно? Если кто не знает, древесный спирт производится по отдельной технологии – целлюлозу (в виде древесины) ошпаривают кислотой, она превращается в спирт, но в сопровождении побочных продуктов – ацетона, метанола и многих других, поскольку в древесине много гемицеллюлозы. Они и убивают (или физически ослепляют) тех, кто пьет такой спирт, не понимая (или по глупости), что такой спирт пить нельзя. Так вот, ГМО – это превосходно, когда продукт сделан правильно. Например, в научной лаборатории, с соблюдением всех предосторожностей. Если сделано правильно, то к ГМО претензий, как правило, нет. Конечно, что там окажется с потомством после нескольких поколений, никто не знает, считается, что все будет нормально. Это вообще почти к любым новым продуктам можно отнести. Так что здесь ГМО ничем не отличается от других полезных продуктов. А как получение ГМО в промышленности? А вот там – большой вопрос, насколько будут выполняться заложенные технологические процессы, что туда будут вливать, с какими примесями, и какими руками хватать. Именно потому к ГМО многие относятся с недоверием. Будущее покажет, хотя это звучит фаталистически.

>> Из достижений комитета: мощнейшая дискредитация фильтров изобретателя Петрика, не заявлявшего на научность своих работ...

Ну, В. Петрик как раз о научности своих работ заявлял. Я не занимался фильтрами Петрика, никогда не вникал в его работы, поэтому ничего сказать по их сути не могу. Я когда-то выступил в «защиту» Петрика только потому, что В. Лебедев, бостонский «журналист», предложил мне Петрика «топить», и за это получить миллион долларов (из какого-то зарубежного фонда по противодействию фальсификациям в науке, как сообщил Лебедев). Я ответил отказом, сославшись на то, что в тематике Петрика по фильтрам и очистке воды специалистом не являюсь. Лебедев же бросил все силы на то, чтобы Петрика «топить», но будучи полным профаном в науке (Лебедев по образованию философ), сосредоточился на дискредитации Петрика и, соответственно, лжи о нем. Он писал совершенно ненавистнические статьи о Петрике, его в Петрике

раздражало всё – что тот делает выдающиеся скрипки, что гравировет на драгоценных камнях, что фотографируется с Бушем, и многое другое. Лебедев вошел в какой-то шизофреническую стадию ненависти Петрика. Впрочем, это типично – лузер ненавидит человека многогранного, явно одаренного. Это, повторяю, не касается моего мнения о фильтрах Петрика, у меня такого мнения нет, а повторять то, что пишут другие, типа Лебедева, мне не свойственно.

Так вот, я обратил внимание, что Лебедев постоянно повторяет, что у Петрика нет публикаций, нет патентов. А я патентами занимался, и для меня не было проблемы за несколько секунд определить, были патенты у Петрика, или не было. Оказалось, что были, и я в сетевой дискуссии с Лебедевым об этом написал. С тех пор стал заклятым врагом Лебедева. Лебедев стал везде писать, что я защищаю Петрика. Говорить о том, что я защищаю не Петрика, а научную достоверность сказанного, было бесполезно.

И вот что мы имеем по публикациям Петрика сейчас. На его патент США «Композиция и методы очистки» имеется 11 ссылок в научной литературе. На другой патент – 10 ссылок. На третий – 10 ссылок, на четвертый – 5 ссылок, и далее еще на два патента по 4 ссылки. Индекс цитирования Петрика в международной научной литературе равен 4 (он составляется из последовательности чисел 11, 10, 10, 5, потому что пятая статья цитируется всего 4 раза, то есть число ссылок на нее уже меньше порядкового номера самой статьи, и статья выпадает из подсчета индекса цитирования). Индекс (Хирша), равный четырем – это немного, он показывает, что как ученый Петрик невелик, но это, между прочим, больше, чем индексы цитирования многих, занимающихся «разоблачением лженауки». Это больше, чем индексы цитирования большинства подписантов позорного «письма 24-х» против ДНК-генеалогии. Это намного больше, чем индексы цитирования Соколова и Дробышевского, и вдвое больше, чем индекс цитирования Чубура. Вот и смотрите, чей вклад в науку больше – Чубура и Соколова с Дробышевским, или Петрика. Это тоже к вопросу о «лженауке».

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.02.2017 в 00:25](#)

>> Ваши статьи с “препарированием” русофобов ничуть не менее интересны, чем статьи по ДНК-генеалогии.

Спасибо, уважаемый Парфирий, были бы неинтересны – не писал бы. Дело в том, что то и другое напрямую связано. Русофобы не выносят ДНК-генеалогии, а причина проста – ДНК-генеалогия приводит к пониманию честной истории своего народа. И всяким чубурам, которые распинаются о «скандинавском» происхождении Русского государства,

не вынести того, что никаких «скандинавов» в ДНК этнических русских практически нет. Здесь картина у всех русофобов и норманнистов (что по факту одно и то же) одна, и не случайно я здесь ранее рассказывал, как я при встрече в Петрухиным, а это ведущий норманист, я поделился данными о том, что ни у русских, ни у украинцев, ни у белорусов, ни у литовцев нет скандинавских меток в гаплотипах. Он тут же разговор свернул, и другим тут же объявил, что данные ДНК-генеалогии не надо принимать во внимание. Неплохо для «ученого», не так ли? Кстати, главный консультант кинофильма «Викинг», и это будучи профессором Еврейского университета.

Тот же Балановский недавно объявил, что ДНК-генеалогия «лженаука», поскольку якобы описывает происхождение людей на тысячи лет назад. Видимо, статьи «Балановщина» ему мало, придется еще добавить. Естественно, он знает, что ДНК-генеалогия описывает, но очень надо было слово «лженаука» публично вернуть. Поступает по-Геббельсу – чем больше повторять, и чем больше ложь, тем больше надежда, что поверят.

Уважаемый Антон добавил вопрос, что это русофобы, или закомплексованные? Это я, как понимаю, со словенского языка перевожу. Так русофобы в России и должны быть закомплексованными, просто опять же по факту. Они в меньшинстве, но злобные. Всё против них. Казалось бы, зачем быть русофобами в России? Но желчь стучится в соответствующих протоках, покоя не даёт. Вот они и думают, что русофобия закомплексованность снимает, типа как раньше кровь отворяли. А они желчь отворяют. Правда, это еще и деньги приносит, дает «рукопожатность» в тех небольших кругах. Вот и всё объяснение.

Тарас Н говорит:

[25.02.2017 в 01:28](#)

Ну, с “чубурашкой” все ясно, меня другое интересует: есть какой-то общий паттерн в мутациях маркеров Y хромосомы? Есть ли тот самый GC → AT shift или нет?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.02.2017 в 20:19](#)

Уважаемый Тарас, Ваш вопрос не по теме статьи или обсуждения. Он также не имеет отношения к теме ДНК-генеалогии. Она вопросами мутагенеза не занимается, если Ваш вопрос относится к этой теме. Если Вас интересуют пурин-пиримидиновые пары оснований, то это тоже не по теме. Если Вас интересует, есть ли указанный мутационный переход в снипах Y-хромосомы, то ответ отрицательный – его нет.

Георгий Максименко говорит:

[25.02.2017 в 23:01](#)

Есть на белом свете такой замечательный человек – Татьяна Валерьевна Миронова, и есть её замечательные слова, которые как никогда подходят к данному случаю в качестве примера, которые приемлемы к русофобам всех мастей, независимо от их упитанности, возраста и пола. Приведу её слова: *«в русском мире их называют выродками и извергами очень точно, т.е. они выбывают из рода русского и они извергнуты из нашей среды»*. Далее идёт её пояснение о том, что это даже не враги, а просто чужаки, которым не свойственны такие понятия как совесть и честь.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.02.2017 в 20:32](#)

Уважаемый Георгий Захарович, тема эта многоплановая и далеко не простая, и я в таких случаях не сторонник категорических утверждений. Категорические утверждения работают на эмоциональном уровне, и часто применимы (да, применимы) в конкретных особых ситуациях, когда того требует время. Например, призыв «Убей немца», который появился и широко распространился с июля 1942 года, после публикаций стихотворения Константина Симонова «Убей его!» (18 июля 1942 года) и статьи Ильи Эренбурга «Убей!» (24 июля 1942 года), и разошелся по стране на плакатах ([плакат 1942 года](#)), был не просто оправдан, он был необходим для более действенного сопротивления и последующей победы. Естественно, в тех случаях рассуждать о том, что Рихард Зорге был по происхождению немцем (по отцовской линии), и что есть множество немцев-антифашистов было бы неуместным умничанием.

Так и по приведенной Вами цитате – ее можно воспринять эмоционально, в нынешней ситуации открытой информационной войны, и она будет уместна, потому что война есть война, и информационная война часто ведет к физической. Это мы сейчас наблюдаем на Украине. Когда на вас бежит амбал со штыком, его надо уничтожить, не разбираясь в том, есть ли в нем честь и совесть, эти понятия у него в другом измерении, нежели в вашем.

Русофобы в нынешней России – это вражеские солдаты информационной войны, но в мирное время их уничтожать не приходится, необходимы другие методы их выявления, демонстрации, то есть публичного показа, и создания обстановки нетерпимости к ним, их моральной изоляции, фигурального (а порой реального) освистывания.

Именно на это направлены многие российские ток-шоу, с приглашениями откровенных русофобов, чтобы всем их было видно. Многие зрители возмущаются, зачем их показывать, давать им платформу для публичных выступлений, но чувство гадливости и возмущения, которое к ним испытывают многие (думаю, подавляющее большинство) зрителей, это и есть дополнительное разворачивание вектора общественного мнения против русофобов. Это каждый раз – успех информационной войны против русофобов.

Теперь более конкретно по цитате. Я не согласен с ее несколькими положениями. Русофобы не «выбывают из рода русского», они в своем большинстве к роду русскому не относятся. В этом – глубинная причина русофобства большинства из них. У них нет корней в русской истории, нет родового, исторического патриотизма. Это – очень важно. Именно поэтому так важна ДНК-генеалогия, в совокупности с изучением своей родословной по архивам, по семейным легендам, это всё с неизбежностью поднимает интерес к истории своей страны, и ведет к дальнейшему повороту вектора настроений против русофобов. Помнится, как на передаче Соловьева некоего Гозмана спросили что-то по Библии/Торе, и он ответил, что он «светский еврей», в религии своего народа не разбирается, значит, и в истории еврейского народа. Представляете? Вот это и есть отсутствие исторических корней. Чего же тогда удивляться, что он за передачу Крыма Украине... У него нет корней нигде. Поэтому и «пусть забирают».

Для меня важнейшим показателем русофобства есть пренебрежение к территориальной целостности России, в настоящее время – откровенно демонстрируемое желание отдать Крым, да и любую территорию России. Не случайно в фильме тому, кто произносит хрестоматийную фразу «Кемска волость? Да пусть её забирают на здоровье... Государство не обеднеет. Да забирайте, у нас этих волостей то...» Михаил Булгаков, автор пьесы, дал фамилию произносящего эту фразу отнюдь не русского звучания. Столь же не случайно некто Балановский фальсифицирует в своих «работах», что Украина и Россия имеют разное ДНК-происхождение, и его выводы становятся популярными среди украинских националистов, и не случайно тот же Балановский публично сообщает, что «ДНК-генеалогия это лженаука, это способ продлевать генеалогию на тысячелетия назад», и сравнивает изучение истории славян с трудами Геббельса и Муссолини. Последнее заявление – с трибуны в РАН. Тоже солдат информационной войны, с антироссийской стороны.

Еще комментарий по цитате выше. Не думаю, что русофобам «не свойственны такие понятия как совесть и честь». Это опять эмоциональное упрощение, плакатного характера. У русофоба – другое мировоззрение, и ему, с его мировоззрением, свойственны (не всем)

совесть и честь, но они другие. Для того, чтобы в этом лучше разобраться, надо для начала дать определения понятиям «совесть» и «честь». Иначе мы договоримся до того, что у красных была честь и совесть, а у белых не было ни того, ни другого. Или наоборот. Но с такими представлениями мы далеко не уйдем.

Андрей говорит:

[26.02.2017 в 00:57](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Можете ли Вы сказать, какого процентное соотношение носителей гаплогрупп в мире? Какая гаплогруппа наиболее многочисленна в мире?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.02.2017 в 20:35](#)

Вопрос некорректно поставлен, или, по-другому, в настоящее время не имеет решения. К этому есть несколько причин. Во-первых, людей, у которых определены гаплогруппы (в вопросе, видимо, имеются в виду мужчины, хотя это можно отнести и к женщинам) совсем немного по сравнению с населением Земли, это примерно полмиллиона человек по сравнению с 7.3 миллиардами человек (на июль 2016 года), то есть менее одной сотой доли процента. Во-вторых, если бы эта крошечная доля была статистически равномерно разбросана по населению Земли, можно было бы взять пропорцию и ответить на вопрос, но на самом деле это распределение крайне неравномерно. Например, в маленькой Ирландии с населением 4.6 млн человек гаплогруппы определены у десятков тысяч человек, а в Африке с 1.1 млрд человек гаплогруппы определены всего у нескольких сотен человек, а то и меньше (не считая белого населения ЮАР). В-третьих, разным гаплогруппам уделено разное внимание. Например, в гаплогруппе М, которую имеют многие миллионы человек, определено всего 15 субкладов, в гаплогруппе R1a (сотни миллионов человек, с Индией около миллиарда человек) определено 66 субкладов, а в гаплогруппе R1b (тоже сотни миллионов человек) – 871 субклад, и то это было полгода назад, сейчас уже больше тысячи субкладов. Причина проста – соответствующие исследовательские центры расположены на территориях основного проживания носителей гаплогруппы R1b, вот они себя в первую очередь и изучают, что совершенно понятно.

Поэтому по факту практического определения гаплогрупп самая многочисленная – R1b, с наибольшим вкладом населения Англии, Ирландии, Шотландии, Германии, Италии и других европейских стран, а также США. Но пальму первенства вполне могут перехватить Китай с его 1.4 млрд населения, с гаплогруппой О у большинства мужчин. В

Африке определенно имеются сотни миллионов носителей гаплогруппы Е. И так далее, считать можно разными приемами. Если вопрос Вас так интересует, посчитайте сами, исходя из численности населения по странам и долям гаплогрупп по тем же странам, приведенным, например, [на этом сайте](#) для мужских гаплогрупп, и [на этом сайте](#) для женских. Точно не будет, но представление даст.

Теоретически, в идеальном мире, гаплогрупп должно быть у всех примерно поровну (за исключением африканцев), потому что общий предок всех неафриканских гаплогрупп жил примерно 64 тысячи лет назад (это – выживший общий предок, от которого и произошли все неафриканские гаплогруппы), и опять же в идеальном мире все гаплогруппы должны были равномерно расходиться от него кустами и ветвями. Мутации в Y-хромосоме ведь неупорядоченные, равновероятные. Но в реальном мире многие кусты и ветви потомков сокращались, отпадали, исчезали, проходили бутылочные горлышки популяций. Многие представляли «последних из могикан». В итоге дерево гаплогрупп и субкладов оказывалось неравномерным, потрепанным, обкарнанным. Африканское дерево выглядит не лучше, а, похоже, и намного хуже неафриканского. Там вообще остались только поверхностные ветви, далеко разбросанные по сторонам от ствола. Планетарная катастрофа, произошедшая примерно 64 тысячи лет назад, обрубила почти все ветви ниже этой даты и у африканского дерева, но вдобавок и последующие его ветви в значительной степени тоже отвалились. В Африку впоследствии пришли многие миграции «извне», но они – части неафриканского дерева. Это в первую очередь гаплогруппы Е и R1b. Так что картина в итоге сложная, и при добавлении к этой картине хронологическую компоненту, чем и занимается ДНК-генеалогия, даст массу новой информации об истории человечества.

Из жизни хронофагов

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Ниже – история, которую можно назвать забавной, или драматической, или пустой потерей времени, что, по-моему, наиболее адекватная оценка. Зачем я ее представляю – станет ясно по мере изложения. Интересующиеся ДНК-генеалогией найдут там, полагаю, немало полезного. Например, моделирование ДНК-генеалогий, их расчеты, приложение калькулятора Килина-Клёсова к некоторым моделям расчетов, влияние бутылочного горлышка в отношении потомков их общего предка, и как это влияет на расчеты. Другие, кто еще не погрузился в ДНК-генеалогия, возможно, найдут интересным, как некто «проверял калькулятор КК», «тестировал его» с помощью залихватских моделей, и что из этого получилось. А третьи познакомятся со стилем общения с хронофагом, который в основном пожирает время собеседника, ничего не принося взамен. Впрочем, подобных хронофагов встречал, наверное, каждый, просто тематика была другой. Может, и такая же.



Наверное, нет нужды многим объяснять, что у меня идет ежедневная активная переписка с интересующимися ДНК-генеалогией, историей, а также с многими людьми, которых интересуют самые разные вопросы, и которые верят, что я могу на них (вопросы) ответить. В день получаю десятки писем, и на все отвечаю, кроме явных junk mail. В этом вижу свою почетную обязанность преподавателя. Как-никак, а я профессор со стажем уже сорок лет, с 30-летнего возраста. Время летит быстро, сюрприз, не так ли?

Среди писем выделяются послания от математиков, или от тех, кто математиками представляются (их дипломы не проверяю, верю на слово, да и вижу по их стилю). Как правило, математики интересуются, чем могут помочь, какой математический аппарат нас интересует для обработки данных ДНК-генеалогии. Я обычно отвечаю, что особо сложного аппарата нет, и существующий нас устраивает. Некоторые математики выражают сомнение, что по всей планете константы скорости мутации Y-хромосомы одинаковы для носителей любых гаплогрупп, но я им показываю серии данных, и они соглашаются, что да, никаких конкретных оснований в этом сомневаться нет. В общем, идет нормальный диалог. Я обычно им сообщаю, что если они найдут что-либо, что окажется полезным для обработки данных, и чего у нас до сих пор не было, и о чем мы, может быть, и понятия не имеем, то приходите и приносите, будем очень рады.

Пока пришел и принес только один, но это дорогого стоило. Владимир Килин из МИФИ разработал, при моем небольшом участии, калькулятор для расчета времен до общего предка серии гаплотипов, от 1-маркерного (технически) до 111-маркерного, до 10 тысяч гаплотипов (протяженности до 111-маркерных) в серии, причем калькулятор тут же показывает базовый гаплотип для всей серии, и суммарное количество мутаций от базового гаплотипа опять же для всей серии. И не только суммарное количество мутаций, но и количество мутаций для каждого маркера в отдельности. А также дисперсию числа аллелей для каждого маркера, и ограничители, которые позволяют компьютеру поднять тревогу при избыточной дисперсии любого маркера, и снять такие маркеры из расчетов, поскольку в них явно есть либо систематическая ошибка, либо ошибки при вводе данных, либо еще какие недоразумения, включая «человеческий фактор». В калькуляторе есть еще много особенностей, подсказок и предохранителей, которые можно по желанию закруглять или, напротив, делать для них тонкую настройку, в общем, всего здесь не перечислить. Мне оставалось только ввести в калькулятор константы скорости мутаций для каждого из 111 маркеров, и оптимизировать их для нескольких десятков примеров, что я и сделал. Итоговая статья была опубликована сначала в Вестнике

Академии ДНК-генеалогии (в трех частях, за март, май и сентябрь 2014 года), а затем в журнале *Advances in Anthropology* (в августе 2016 года).

Это – нормальный промежуток времени для отработки калькулятора, проверки его работы для многих серий коротких и протяженных гаплотипов, осмысления и корректировки величин индивидуальных констант скоростей мутаций для серий гаплотипов разных гаплогрупп, и для времен от сотен, тысяч, десятков тысяч лет назад, и до миллионов лет назад.

Приведу один пример большой серии, из 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате. Это – гаплотипы субклада R1b-L21. Конечно, в столь большой серии многие гаплотипы должны попадать в нижестоящие по отношению к L21 субклады, которых по классификации ISOGG-2017 имеется 521, и у каждой подгруппы есть свой общий предок. Иначе говоря, мы имеем суперпозицию потомков от огромного количества общих предков, и время жизни «результативного» общего предка окажется несколько заниженным по сравнению с временем жизни общего предка самого «родительского» снипа L21. Это знает любой, кто серьезно занимается ДНК-генеалогией. Поэтому важно понимать, какая задача ставится при расчетах, и для чего такая задача ставится. Более того, заниженное время жизни общего предка оказывается и в том случае, когда носители самых древних снипов в данном субкладе вымирают, и когда от них не остается мужского потомства. Самый драматический случай в такой ситуации называется «бутылочное горлышко популяции», когда древние общие предки ниже какого-то времени «обнулились», потомства от них не осталось, и «патриархом» для всех ныне живущих мужчин данного субклада оказывается относительно недавний общий предок.

Классическим примером для такой ситуации мог бы быть «последний из могикан», описанный Ф. Купером в 1826 году. Напомню основную линию повести, которая была написана через 70 лет после франко-английской войны, и согласно которой (линии повести) погибает сын индейского вождя племени могикан, и сам вождь, по имени Чингачгук, остается последним мужчиной племени. На самом деле Купер, конечно, всё придумал, и племя могикан, разошедшее на несколько племен, в наши дни проживает в Канаде и в США, штат Висконсин. Но вернемся к повести Купера. Если бы Чингачгук выжил, женился и обзавелся потомством, и оно бы продолжалось по мужской линии, расходясь на ветви, он был бы общим предком всех последующих потомков этих ветвей. Индейских предков, ведущих свои линии с 10-20 тысяч лет назад в Америке, а до того – в Сибири, не было бы заметно при построении деревьев гаплотипов. Общий предок всех последующих потомков датировался бы примерно 1760-м годом. Это и есть «прохождение могиканами бутылочного горлышка популяции».

Возвращаемся к расчету времени жизни общего предка серии из 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате гаплогруппы R1b-L21. Все эти гаплотипы показывают 92120 мутаций от базового гаплотипа. Вручную это, конечно, считать никто бы не стал, а в калькуляторе Килина-Клёсова (ККК) это количество мутаций высвечивается в одно касание на дисплее. Если считать по так называемому линейному методу, то имеем $92120/3466/0.198 = 134 \rightarrow 152$ условных поколений (по 25 лет каждое), то есть 3800±380 лет до общего предка. Здесь стрелка – поправка на возвратные мутации, 0.198 – константа скорости мутации для 111-маркерных гаплотипов. Как делать поправку, и какие величины констант скоростей мутаций для гаплотипов разной протяженности – описано в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (Книжный мир, М., 2016). Теперь обращаемся к ККК – расчет происходит там за секунду, если не быстрее, и на дисплее высвечиваются значения времен до общего предка всех 3466 гаплотипов:

111-маркерный формат	3810±381 лет назад
67-маркерный формат	3841±384
37-маркерный формат	3576±358
25-маркерный формат	3571±358
17-маркерный формат	3679±369
12-маркерный формат	3499±352
6-маркерный формат	4162±421

Если 111-маркерные гаплотипы обрабатывать квадратичным методом, по другой формуле, то получается 4197±274 лет назад.

Если применить логарифмический метод, то в 12-маркерном формате 249 гаплотипов из 3466 оказываются идентичными друг другу, это и есть базовые гаплотипы. Получаем:

$[\ln(3466/249)]/0.02 = 132 \rightarrow 152$ условных поколений (поправка на возвратные мутации для 12-маркерных и 111-маркерных гаплотипов несколько различается), то есть 3800±450 лет назад. Эта величина практически равна той, которая была рассчитана вручную и с помощью ККК.

В общем, любой, кто проводил расчеты с помощью ККК, знает, что калькулятор считает, конечно, правильно. Точнее, что в него вводят, то он и считает. Те вариации во временах жизни общих предков, которые (вариации) есть, вызваны самими сериями гаплотипов, их разной протяженностью, ошибками ввода данных и так далее. И вот теперь подходим к основной сюжетной линии данного повествования. Есть любители напускать тень на плетень, они же любители заводить рака за камень, которых хлебом ни корми, а дай волю медленно и тягуче выяснять какой-то несущественный вопрос, который другими давно

решен. Они шлют письма за письмами, задают никчемные вопросы, затем задают вопросы к тем своим никчемным вопросам, и, получая объяснения, никогда к ним не возвращаются, как будто их и не было. Никакого «ах, да, теперь понял». Ну что вы, они никогда не согласятся с тем, что они что-то поняли. Как можно? Это не они поняли, это собеседник наконец-то понял, да и то не до конца. Это собеседник должен им быть благодарен, и ответить на другие вопросы, прислать им ссылки, и так далее. Конца этому нет. Работают хронофаги, пожиратели чужого времени, своего времени им не жалко. Они пишут длинные письма, цитируют кого-то там, к делу совершенно не относящегося, и переписка превращается в сказку про белого бычка. Их задача (или натура, ментальность) показать, что это не они задают вопросы, они по сути находят ответы, или они ответы знают, а собеседник не понимает простых вещей. Я начинаю понимать, что должен был оборвать эту переписку еще давно, но это вроде бы невежливость, и потом – хронофаг ведь пока так и не понял, что он материал не усвоил, что у него ошибки, и мой долг на эти ошибки указать. В итоге пишу хронофагу, что переписку прекращаю за отсутствием смысла, прошу больше не беспокоиться. Но хронофаг продолжает присылать письма, типа а почему такая раздражительность, неужели это ответ на его, хронофага, искренность и желание помочь в рассеивании моих заблуждений, почему я не высылаю ему запрашиваемые им программы, статьи и книги, откуда такая секретность, он такую не заслужил, и так далее, и тому подобное. Потом от него идут копии писем, которые он рассылает по миру коллегам, и в которых он, хронофаг, жалуется на то, что я не высылаю ему нужные хронофагу компьютерные программы, что необоснованно секретничаю, и так далее, и тому подобное. Я уже давно не отвечаю, а письма и копии писем от него продолжают идти.

Встречали таких? Я – немало раз, потому готов для некоторых обобщений. Они уже даны выше. А теперь сам занятный и показательный случай.

ПИСЬМО 1

Получаю исключительно вежливое письмо, в котором сообщается, что податель сего «случайно набрел» на мою статью, которая показалась подателю «чрезвычайно интересной». Дается линк на какую-то эзотерическую статью про Индию, конечно же, не мою. Но в той эзотерической статье имеется линк и на мою статью 2009 года, в журнале J. Genet. Genealogy. Так что, возможно, именно та статья показалась автору письма интересной. Хорошо. Автор письма представился имеющим математическое образование. Тоже хорошо. Автор подробно, с отвлечениями, рассказывает, что поначалу у него было «огромное количество вопросов», но он постепенно со всеми разобрался, кроме двух

или трех. И дальше идет знаковая фраза – «разрешите поделиться моими сомнениями».

Такая фраза для меня обычно сигнализирует о последующей пустой потере времени. Потому что когда человек, малознакомый с базовыми понятиями ДНК-генеалогии (как он и написал) выражает «сомнения», значит, разобрался он в базовых понятиях плохо. И вот теперь он рассчитывает на то, что я ему буду эти базовые понятия подробно растолковывать. Желания такого у меня, честно говоря, нет, как нет на это и лишнего времени, ну ладно, посмотрим, что там у него за сомнения. Может, и у меня появятся, буду в итоге ему признателен.

Первое оказалось не сомнение, а пространное описание того, что вместо логарифмической формулы, в которую входит константа скорости мутации маркера или суммы маркеров, можно использовать асимптотическую форму уравнения, которая, как сообщает автор письма, *«полностью совпадает с Вашей логарифмической формулой»*. Хорошо, проехали, ничего нового автор письма не сообщил и не предложил. Ну, роднее ему, милее асимптотическое уравнение, вот и всё. Таких много, будут днями и ночами доказывать, что «в лоб» правильнее, чем «по лбу». Автор письма также сообщил, что асимптотическая формула *«помогает по-новому увидеть проблему калибровки констант мутаций»*, но как это помогает – не сообщил. Ясно, что никак не помогает. Калибровать нужно по реальным данным, а там замена «в лоб» на «по лбу» никак не помогает.

И далее автор перешел ко второму «сомнению». Оно у него сводится к тому, что линейный метод расчета времени жизни общего предка (при котором сумма мутаций от базового, то есть предкового гаплотипа в выборке серии гаплотипов делится на число гаплотипов в выборке и на величину константы скорости мутаций для гаплотипов данного формата) неприменим тогда, когда общий предок был один. И когда от него, соответственно, расходились потомки-мальчики, каждый со своим гаплотипом, в котором время от времени, неупорядоченно, при прохождении поколений, спонтанно появлялись мутации. В итоге, когда мы берем выборку, например, 37-маркерных гаплотипов потомков, например, наших современников, в количестве, например, двухсот человек, и в них находим, скажем, 1000 мутаций, то их общий предок жил $1000/200/0.09 = 56$ условных поколений назад, то есть 1400 лет назад. Здесь для простоты я опускаю поправку на возвратные мутации и расчет погрешностей получаемой датировки времени жизни общего предка. Это и есть линейный метод расчета.

Если все гаплотипы в выборке действительно происходят от этого общего предка, который жил примерно 1400 лет назад, то среди 200 гаплотипов в 37-маркерном формате не наберется и двух идентичных

гаплотипов. Поэтому 37-маркерные гаплотипы обычно плохо подходят для логарифмического метода расчета времени жизни общего предка, потому что плохо сохраняются во времени, особенно при прошествии многих веков, а то и тысячелетий. А вот 12-маркерные гаплотипы для этого подходят неплохо. Для нашего случая среди 200 гаплотипов в урезанном, 12-маркерном формате, 65 гаплотипов будут идентичны друг другу. В таком случае получаем $[\ln(200/65)]/0.02 = 56$ условных поколений назад, то есть 1400 лет. Точное совпадение логарифмического и линейного методов расчета. Это означает, что, действительно, все 200 гаплотипов в выборке происходят от одного общего предка, выборка ровная, симметричная, правильная.

Повторим «сомнение» человека, представившегося как имеющего математическое образование. Его сомнение состояло в том, что линейным методом в таких случаях, когда общий предок один, пользоваться нельзя. Надо, считает автор письма, чтобы непременно была группа предков с одинаковым гаплотипом. Так сказать, «обобщенный общий предок». Тогда линейный метод, как полагает автор, применять можно. Хотя тут же он пишет, что когда линейный метод применяется в сочетании с логарифмическим методом (как показано выше), то тогда все в порядке, *«это не вызывает у меня особого беспокойства»*.

Прочитав такое, я пожал плечами. Наверное, или математик что-то не понял у меня, или я что-то не понял у математика, да и вообще в ДНК-генеалогии невозможно разделить случаи, когда был именно один общий предок, или их было несколько – родные братья, отец и сын, или другие близкие родственники. В приведенном выше случае должно быть не 1400 лет назад, а 1400 ± 150 лет назад, это и есть расчетная погрешность. Иначе говоря, все общие предки попадают в расчетный интервал, равный трем векам. Поди разберись, был там один общий предок для 200 наших современников в выборке, или их целая гроздь в интервале 300 лет. А вот автор письма считает, что если один предок – то рассчитывать нельзя, а если их была целая компания, то рассчитывать можно. С такими математиками не соскучиться.

Следуя своему правилу, я ему ответил. Написал, что уж сколько математиков подступались к ДНК-генеалогии – и не перечислю. Вывода обычно было два – или «там всё правильно», или «и не представлял, что на практике всё так сложно». Так что не тратьте время, предложил я своему респонденту. Там в самом деле всё правильно. Чтобы в этом убедиться, надо проанализировать хотя бы несколько десятков реальных серий гаплотипов. Я анализировал тысячи. Это – моя профессия. Более того, в последнее время появились тысячи датировок по снипам, данные по многим сотням ископаемых ДНК, и всё в целом сходится, а если не сходится – на то есть довольно простые причины.

Закончил я письмо так:

Поэтому, не обижайтесь, но когда я вижу очередное письмо очередного математика или физика, которые в чем-то «сомневаются», не держа в руках ни одного гаплотипа, не проведя – самим – ни одного расчета, я снисходительно усмехаюсь. Таких, как я отметил выше, было множество, и хоть бы какой след остался. Кроме Адамова и Килина. Всё. Нельзя же так, верхоглядством, несерьезно.

Опять, не обижайтесь. Но наука «сомнениями» не продвигается. Она продвигается реальным вкладом каждого из «сомневающих», она продвигается позитивом, а не негативом, не «сомнениями» или «не понял». Не понял – нужно понять, проверить, самому рассчитать, если не так – самому выдвинуть другой вариант расчетов, его апробировать, на многих реальных системах. Как в свое время сделал я. Тем более что у Вас есть свой реальный случай.

ПИСЬМО 2

На следующий день приходит ответ. Много лишних слов, цветистые выражения, благодарности за полученный ответ. И тут же – предложение *«подготовить критический анализ Вашего подхода к ДНК-генеалогии, основанный на расчетах и конкретной проверке способности калькулятора Килина-Клёсова правильно определять время до ближайшего общего предка, если Вы готовы хотя бы рассмотреть возможность публикации результатов такого анализа»*. И тут же – *«Если Вы уверены в теоретической и практической непогрешимости разработанного Вами и Вашими соратниками подхода, во всех его деталях, Вам нечего терять, не так ли?»*.

Я отвечаю:

Разумеется, если Вы представите *«критический анализ Вашего подхода к ДНК-генеалогии, основанный... на расчетах и конкретной проверке способности калькулятора Килина-Клёсова правильно определять время до ближайшего общего предка»*, то я с удовольствием опубликую Вашу статью. Но, разумеется, оставляю себе право на сопроводительные комментарии. При этом просьба – не забудьте дать определение понятию *«правильно определять»*, у разных людей может быть разное представление об этом понятии. Любой гаплотип – это результат статистических вариаций аллелей, именно потому датировки по 12-, 25-, 37-, 67- и 111-маркерным панелям всегда несколько различаются. Это как – *«правильное определение»* или нет?

«Если Вы уверены в теоретической и практической непогрешимости разработанного Вами и Вашими соратниками подхода, во всех его деталях»

Обычно, читая такое, я себе говорю – ну вот, опять начинается. Согласитесь, что эта фраза выше – типичное словоблудие. Нет в науке «непогрешимости» и тем более «во всех его деталях». Иначе наука не развивалась бы. Детали же различаются при переходе от уровня к более глубокому уровню, и так везде в науке. Тем более при рассмотрении статистических подходов. Калькулятор можно подкручивать для разных дисперсий, если Вы заметили, и это тоже «в деталях». Поэтому обратите внимание еще на одну «деталь» - меняется ли результат расчета принципиально, или на уровне процентов, меняется ли ответ по сути.

ПИСЬМО 3

Начинается с благодарностей за ответ, за *«советы, как избежать возможных ловушек на этом пути»*. Сообщается, что это *«даже больше, чем я ожидал»*. Идут слова о достоинстве и порядочности, которые обнаружены моим респондентом в этой переписке. Видимо, в благодарность сообщается, что он, автор письма, «не профессиональный математик». Ну ладно, нет проблем. Мне же не дипломы нужны, а толковый вклад респондента в вопросы ДНК-генеалогии. Хотя пошло уже третье письмо, а вклад не просматривается, даже в перспективе. Напротив, респондент выражает надежду, что он «успешно освоит Вашу науку». Вообще-то мне не это было нужно от математика, пусть и не профессионального. Становится все более ясно, что со мной связался типичный хронофаг. Тем более что в завершение этого письма он порекомендовал мне (и «Вашим соратникам») *«фундаментальную для всей науки книгу» «Теория вероятности: логика науки»* объемом в 758 страниц. Как говорил мой старенький американский приятель – «я уже зеленые бананы перестал покупать»... И еще респондент пообещал ознакомиться с калькулятором. Славно, хорошо, что не все, кто мне пишут, мне столь подробно описывают свои планы.

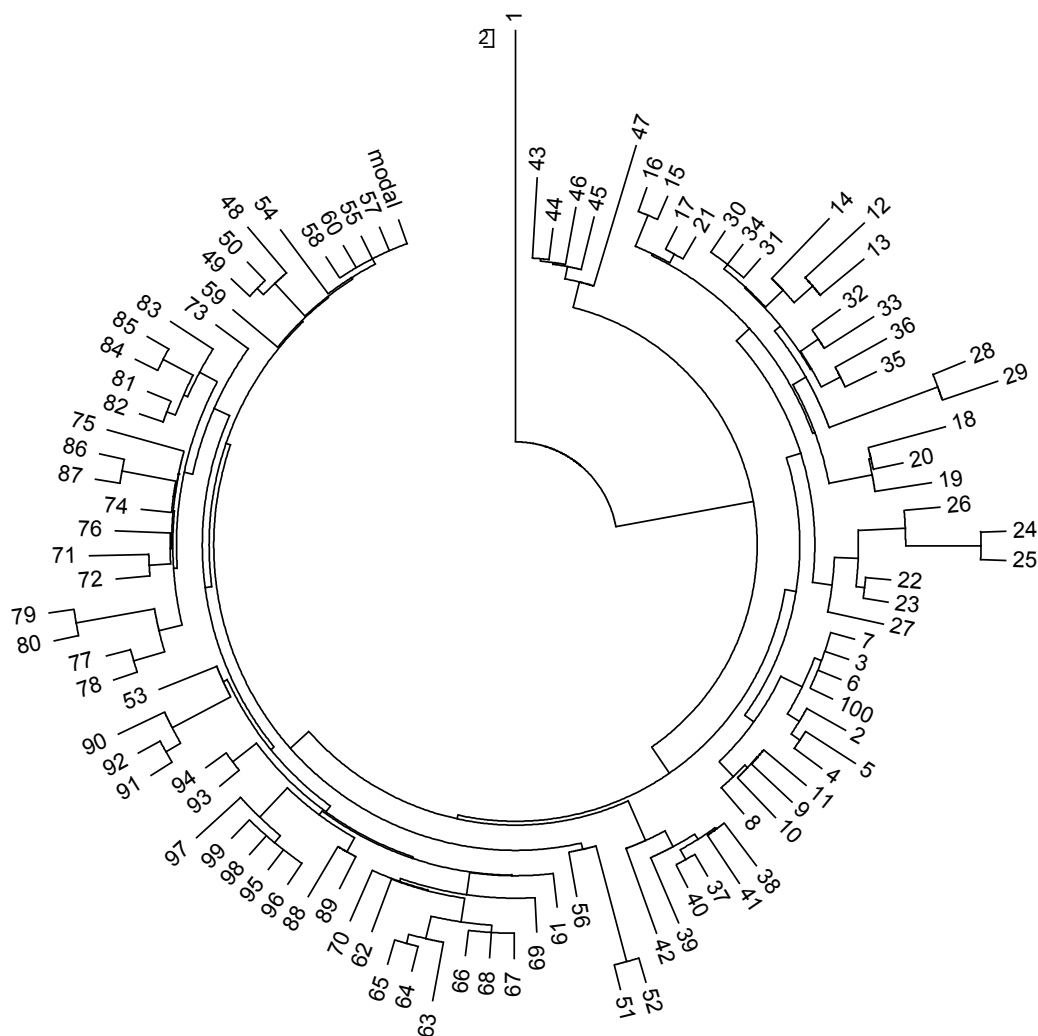
ПИСЬМО 4

Прошло более двух недель. Получаю файл с описанием, что этот файл содержит сто 111-маркерных гаплотипов, сгенерированных (методом Монте-Карло) специально для тестирования калькулятора Килина-Клёсова с использованием констант скоростей мутаций индивидуальных маркеров, взятых из того же калькулятора. Респондент просит всё это проверить, построить дерево гаплотипов, посчитать всё вручную и с использованием ККК. Сообщает, что «очень интересно, как это дерево будет выглядеть», поскольку строить деревья он не умеет.

Отмечаю для себя, что хронофаг из личинки уже окуклился. Мне-то тестировать калькулятор вовсе не надо, я его тестирую каждый день, и знаю, что он прекрасно работает. Конечно, можно гонять его в разных режимах, при разных ограничениях на дисперсии, с разным количеством нуль-маркеров, при разном содержании палиндромных маркеров, меняя константы скорости мутаций и минимизируя отклонения от получаемых датировок общих предков для разных гаплогрупп и субкладов, и так далее, там работы на поколения расчетчиков. Но мой респондент вовсе не так хочет проверять калькулятор КК. Он берет уже заложенные туда константы скоростей мутаций, «на готовенького», ничего не меняет и не варьировать, и просто решает обратную задачу – исходя из произвольно взятой датировки общего предка и тех же констант скоростей мутаций генерирует набор гаплотипов, и хочет по ним определить, когда жил тот самый общий предок. Это, оказывается, и есть «проверка», или «тестирование калькулятора».

Поскольку понятно, что если генерирование гаплотипов было правильным, то и датировка общего предка получится та же, которую закладывали. А если датировка получится другой, то опять же понятно, что генерировали что-то не то. Или не те условия закладывали. Иначе говоря, мой хронофаг собирается проверить не калькулятор, а свою программу генерирования гаплотипов и условия, которые при этом закладывались. Заложит «кривые» условия – получит «кривую» датировку. И это он собирается выдать за «тестирование калькулятора». Так оно и оказалось. Что меня насторожило, это то, что мой респондент не сообщил, какую же датировку общего предка закладывал. Что это за «тестирование» такое получается?

Ну да ладно, это мы позже выясним. Дерево этих ста гаплотипов получилось так себе, гаплотип под номером 1 явно выпадает из общей серии, на дереве четыре базовых гаплотипа (в верхней части, под номерами 55, 57, 58, 60). Если бы дерево было правильным, симметричным, происходящим от одного общего предка, то его датировка была бы $[\ln(100/4)]/0.198 = 16$ условных поколений назад, или $16 \times 25 = 400 \pm 204$ лет назад.



Столь большой разброс в датировке определяется тем, что в серии всего четыре базовых гаплотипа. Но сам факт того, что с времени жизни общего предка сохранилось целых четыре немутированных 111-маркерных гаплотипов, показывает, что общий предок действительно жил совсем недавно, по меркам ДНК-генеалогии.

Калькулятор КК показывает, что во всех ста 111-маркерных гаплотипах имеется 473 мутаций от базового гаплотипа, то есть в соответствии с линейным методом и при счете вручную общий предок жил $473/100/0.198 = 24$ условных поколения, или 600 ± 66 лет назад. Сам калькулятор КК дает датировку времени жизни общего предка при расчете по 111-маркерным гаплотипам (линейным методом) 610 ± 67 лет назад, что практически то же самое, что и при ручном счете. Но при расчете 111-маркерных гаплотипов квадратичным методом ККК дает 323 ± 48 лет назад, что значительно занижено. Что-то не так с генерированной серией гаплотипов у моего респондента. То ли метод Монте-Карло дал сбой, то ли что-то не так в исходных условиях. Тем

более что по всем другим панелям идет какая-то чехарда – 67-маркерные гаплотипы дали для времени жизни предка 663 ± 76 лет назад, 37-маркерные - 530 ± 66 лет назад, 25-маркерные 319 ± 53 года назад... Генерированная серия гаплотипов у моего респондента явно какая-то кривая. Это он так калькулятор тестирует? Более того, при снятии самого первого гаплотипа, под номером 1, который явно выпадает из всей серии (что видно на дереве гаплотипов), время до общего предка для оставшихся 99 гаплотипов (в 111-маркерном формате) ныряет от 610 до 578 лет назад, пусть и в пределах погрешности, а если снять любой из оставшихся 99 гаплотипов, то общий предок по времени остается практически такой же. Нет, что-то явно не так с гаплотипом под номером 1, он в заметной степени и делает выборку кривой. Так не должно быть с искусственно генерированными гаплотипами, если, конечно, генерировать правильно.

Пишу ответное письмо, уже начиная проклипать, что связался с явным хронофагом. Ничего нового для себя не почерпнул, время затратил, мне подсовывают явно кривую серию, и конца этому, наверное, уже не будет. И если сейчас переписку оборвать, то времени затраченного уже не вернуть, но может, стоит помочь человеку? Он ведь наверное и не знает, что у него ошибка...

Итак, ответ моему респонденту:

То, что Вы берете индивидуальные константы скоростей мутаций, еще недостаточно для генерирования гаплотипов. Вы не упомянули, что вводили заранее заданное (и произвольно выбранное) время до общего предка этой серии гаплотипов, причем это время было относительно небольшим, всего несколько веков назад.

Это время явно недостаточно для многих, если не для большинства маркеров из всех панелей используемых констант. Иначе говоря, примерно для половины всех маркеров число рассчитанных мутаций должно быть равно нулю. Еще иначе говоря, Вы оперировали не 111 маркерами, а примерно 50-ю. В 6-маркерных гаплотипах три маркера были вообще выведены их расчетов, в остальных число мутаций было минимальным. Так проверки, конечно, не делаются.

Вы что, действительно ожидали, что при такой постановке «эксперимента» все датировки общего предка по всем панелям будут одинаковыми и равными той величине, которую Вы сами исходно заложили? Но так не бывает.

Давайте я отвечу на Ваш вопрос. Вы пользуетесь калькулятором правильно. Тот «сбой», что Вы наблюдаете, это не сбой калькулятора, это сбой в постулатах, заложенных Вами в расчеты, сбой в выборке исходных условий.

И вообще, Вы ломитесь в открытые ворота. Я же послал Вам статью в соавторстве с Килиным в журнале *Advances in Anthropology*, там приведены расчеты для многих реальных систем, некоторые с тысячей и больше гаплотипов (до 3466 гаплотипов в серии), в статье приведены скриншоты по всем панелям, и Вы легко можете проверить, как панели согласуются друг с другом, причем для реальных систем с их недостатками. Зачем Вам создавать кривую систему, далекую от реальности, с вылетающими маркерами, причем до половины их вылетают, и что-то пытаться на этом основании заключать (хотя в данном случае Вы окончательных заключений пока не делали).

Искренний совет – не тратьте впустую время, «проверяя» калькулятор. Наука так не делается. Вы хотите найти недостатки, которые в расчетах реальных статистических систем, конечно, есть. Но нахождением недостатков наука тоже не продвигается. Вот если Вы откорректируете индивидуальные константы скоростей мутаций, и покажете на многих примерах, что новый набор констант работает лучше, и покажете **конкретно**, что такое «лучше», то это другое дело. Но этот путь я уже прошел, причем на десятках реальных серий из сотен и тысяч гаплотипов. Вот когда Вы этот путь тоже пройдете, и на это понадобятся, наверное, месяцы, а то и годы работы, то я Вас первым поздравлю. Но почти гарантирую, что существенно Вы константы не подправите, потому что работает принцип «клюв вытащил – хвост увяз».

Впрочем, работайте, нет проблем, я буду с интересом наблюдать.

ПИСЬМО 5

Получаю письмо, которое начинается с того, что «я здесь вижу очень много недоразумений». И дальше идут витиеватые, избыточные фразы, типа что-то там «и ежу понятно», «если, конечно, Вы не считаете меня ежом», и так далее. В итоге мой хронофаг сообщает, что он, конечно, вводил при моделировании заранее заданное и произвольно выбранное время до общего предка серии гаплотипов, но так его в этом письме и не привел. После ряда опять избыточных пассажей о «машинном интеллекте в области ДНК-генеалогии» хронофаг сообщил, что расчеты калькулятора (а значит, и мои расчеты вручную, как линейные, так и логарифмические), что общий предок жил относительно недавно, всего несколько веков назад, «абсолютно неверны». Это, оказывается, «ККК так думает». И для

респондента «было большой неожиданностью», что я калькулятору поверил. То, что такие же результаты я получил и без всякого калькулятора, вручную, в том числе и основываясь на четырех базовых 111-маркерных гаплотипах, мой хронофаг не упомянул.

После этого было еще несколько страниц убористого текста, суть которого сводилась к тому, что все мои рассуждения теряют всякий смысл, поскольку мой вывод об относительно недавней датировке (несколько веков назад) общего предка представленной серии является неправильным, а если даже это время действительно «всего несколько веков», то *«все равно эти рассуждения не имеют ни малейшего отношения к тому, что я проверяю»*.

И что же тогда «проверяет» мой хронофаг? Цитирую – *«Я проверяю совсем другое. Я создаю конкретный случай, который реально мог иметь место в жизни, если предположить, что Ваши константы адекватно описывают реальность. Но я это делаю вовсе не для того, чтобы потом - методом от противного, так сказать - показать, что принятие этих констант приводит к ошибке, абсурду или еще какой-то нестыковке. Мне удивительно, что Вы так подумали. То, что Вы подумали именно так, кажется мне совершенно очевидным (впрочем, моя уверенность совсем не исключает, что я ошибаюсь - бывало такое раз).*

Потом хронофаг сообщает, что мое замечание *«показалось мне совершенно неуместным. Действительно, если бы даже я заложил в Монте-Карло десятки тысяч лет, все равно самые медленные 6 или 9 маркеров, скорее всего не испытали бы ни единой мутации. Что с того?»*

Давно, впрочем, ясно, что хронофаг не имеет понятия о предмете, который «проверяет».

И дальше хронофаг сообщает о своей цели – *«просто продемонстрировать, наглядно, что калькулятор дает явно неправильный результат на примере, о котором я знаю все (я ведь этот пример и породил), т.е. я знаю правильный ответ, который и сверяю с тем, что дает калькулятор»*.

Далее я опускаю несколько страниц рассуждений хронофага, как обычно, витиеватых, о «возражениях», которые я ему «приписываю», но «не по злому умыслу, а по недоразумению», о своих «догадках», о том, что «Вы, с Вашим огромным опытом, сразу поймете, в чем там нестыковка». В итоге хронофаг заключает, что *«калькулятор дает не просто неправильный, а неприлично неправильный результат»*. И что я не потрудился провести «ручной анализ и дать свое заключение». И что я *«вообще не заметил эту просьбу, или просто решил ее проигнорировать»*. И что у меня, видимо, *«нет ни сил, ни времени реагировать на все эти просьбы к удовлетворению жаждущих»*. И что он *«совершенно не обиделся бы, если бы*

Вы прямо так и сказали мне в лицо. Если моя просьба была бестактной, прошу меня извинить». И так далее, и тому подобное.

Все это перемежалось фантастически наивными представлениями, типа того, что «я просто не был уверен, что если набор гаплотипов подавать на вход калькулятора в той или иной последовательности, он все равно даст один и тот же результат. Я попробовал пару различных вариантов, и получил один и тот же результат».

Представляете? Хронофаг решил даже проверить, что от перестановки гаплотипов в серии результат расчетов не меняется. Он что, действительно полагал, что может меняться? За кого он принимает разработчиков и пользователей калькулятора? И вот теперь он докладывает, что действительно, не меняется. Открыл нам глаза.

Далее хронофаг пустился в рассуждения, что никаких «сбоев» у него не было, что и здесь «объясняете неправильно», что «никакие постулаты в расчеты я не закладывал, кроме тех, которые Вы принимаете за доказанные, а именно - индивидуальные константы скоростей мутаций. Плюс, разумеется, конкретное генеалогическое дерево, которое является входной информацией в процесс моделирования Монте-Карло»

Вот мы, похоже, и добрались до сути. Постулировалось (или принималось за основу расчетов) некое «генеалогическое дерево». Что занятно, описание этого дерева мне сообщено не было, как не было сообщено и то, когда жил его общий предок. Не сообщил это мне хронофаг и на этот раз, в этом письме.

Но зато он оспорил мою фразу *«И вообще, Вы ломитесь в открытые ворота»*, сообщив, что надо было написать "Я думаю, что Вы ломитесь в открытые ворота", «с этим хоть можно было согласиться», и дал линк на некую статью на английском языке, которую, разумеется, я и открывать не стал. И так – на каждую мою фразу. Когда я пишу, например, *«Искренний совет – не тратьте впустую время, «проверяя» калькулятор»*, он долго объясняет, что не стоит так сильно переживать за его время, описывает свою биографию, цитирует художественную литературу, сообщает, что *«Вы абсолютно превратно поняли мои устремления. Я не хочу найти недостатки в Вашем калькуляторе»*.

Штука в том, что я как раз на это рассчитывал. Я хотел бы найти систематические недостатки в калькуляторе, если они там есть. Это скомпенсировало бы мои затраты времени на переписку. Но хронофаги такого удовольствия нам не доставляют. Ничего продуктивного от них не дожидаться. Они просто едят наше время, как и следует из их названия. Но перемежают это положениями типа такого – *«я говорю это Вам совершенно искренне, с полным пониманием масштаба того, что Вы сделали. Вы действительно сделали очень важный прорыв в науке, и, возможно,*

не менее важный и нужный прорыв для России – нужный именно сейчас, когда с Россией ведется война на уничтожение».

В общем, и в этом письме мой хронофаг так и не дал сведений о том, из какого «генеалогического дерева» он исходил, и какой он заложил для расчетов возраст общего предка. Напоминаю, что и калькулятор, и дерево гаплотипов, и расчеты линейный, квадратичный и логарифмический дали возраст общего предка дерева в диапазоне 300-600 лет назад.

Поэтому я ответил:

Можно было это обсуждение сделать намного более коротким, если бы Вы с самого начала – предыдущего или этого сообщения – привели конкретную датировку общего предка тех ста гаплотипов, которые Вы генерировали, и какое «генеалогическое дерево» закладывали в расчеты. Вместо этого Вы предпочитаете уклончивые пируэты, так и не сообщая эту датировку. Один из таких уклончивых пируэтов следующий – «Вы сделали неправильный вывод, что "это время было относительно небольшим, всего несколько веков". Почему бы сразу не сообщить это время? Зачем эта игра в прятки? Я исходил из того, что наше общение будет прямолинейным, без таких экивоков.

Так вот, вывод мой был правильный. Именно несколько веков. Если Вы заложили тысячелетия, то Ваша программа генерации гаплотипов просто неверна, и всё обсуждение теряет смысл. И неверна вот почему. Возьмите хотя бы первый маркер, DYS393, с величиной константы скорости мутации 0.00059 на условное поколение, то есть на 25 лет. Одна мутация в этом маркере в серии из 100 гаплотипов происходит в среднем раз в $1/100/0.00059$, то есть примерно раз в 15 условных поколений, или примерно раз в 375 лет. В Ваших ста гаплотипах все сто DYS393 имеют одно и то же значение, «13». Это означает, что общий предок в данном случае жил всего несколько веков назад. Это ККК и показал, при естественном разбросе при столь малом времени до общего предка.

Этот вопрос я подробно разбирал в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (М., Книжный Мир, 2016). Цитата:

«Взглянем на серию из 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21. Число аллелей в маркере DYS393:
11 – 2 (то есть аллель 11 встречается в 3466 гаплотипах всего два раза)
12 – 81

13 – 3237

14 – 145

15 - 1

Считая, что все мутации одношаговые, получаем 232 мутации на 3466 аллелей – от базового значения аллели, равного 13».

Это – для 3466 гаплотипов. Для серии из 100 гаплотипов, как в Вашем случае, в маркере DYS393 будет наблюдаться примерно 7 мутаций за период времени 3800 лет. У Вас не было ни одной. Значит, общий предок для Вашей серии жил примерно (или менее) 540 лет назад. Это и есть несколько веков.

Без решения этой проблемы с Вашими расчетами, скорее всего «кривыми», продолжать обсуждение смысла нет, все эти рассуждения, что «проверить логику» - просто лирика. Какая «логика», если что-то у Вас неверно с самого начала.

Еще несколько комментариев. Вы пишете - *«Я создаю конкретный случай, который реально мог иметь место в жизни, если предположить, что Ваши константы адекватно описывают реальность»*. Он имеет место в жизни не мог, см. выше. Что-то не так с Вашими исходными положениями, см. выше. Или этот «конкретный случай» какой-то замысловатый, например, с прохождением бутылочного горлышка потомков «заложенного» общего предка.

Вы пишете – *«Вообще это замечание показалось мне совершенно неуместным. Действительно, если бы даже я заложил в Монте-Карло десятки тысяч лет, все равно самые медленные 6 или 9 маркеров, скорее всего не испытали бы ни единой мутации»*.

Опять неверно. Такого просто быть не может, чтобы в ста гаплотипах при таких временах в десятки тысяч лет не было мутаций. Вы видите проблему? Вы, не обладая ощущением реальных систем, пытаетесь «генерировать», получаете абсурд, и называете это проверкой логики.

Вынужден повторить то, что сказал ранее. Бесполезно искать ошибки в калькуляторе, бесполезно называть его «черным ящиком», так наука не продвигается. Вам надо бы показать, КАК нужно считать, и убедить, что Ваш подход считает лучше, показав это на многих примерах. Без этого будет просто говорильня.

Странно, что Вы этого не видите.

Вы пишете - *«Другой способ – это просто продемонстрировать, наглядно, что калькулятор дает явно неправильный результат на примере, о котором я знаю все (я ведь этот пример и породил), т.е. я знаю правильный ответ, который и сверяю с тем, что дает калькулятор».*

Заблуждаетесь, см. выше. Вы можете породить пример, приводящий к бутылочному горлышку популяции, зная об этом всё, но получить время жизни общего предка не тысячелетия назад, а относительно недавно. Вот это бы и был «кривой» пример и кривой расчет. Это – не проверка «логики» калькулятора.

Вы пишете - *“Вы, насколько мне известно, не заявляли, что калькулятор не предназначен для расчета TMRCA для временных промежутков всего в несколько сот лет”.*

Разумеется, не заявлял. Более того, есть много примеров с недавней генеалогией, в несколько сот лет, и ККК считает правильно. Но у Вас другой случай – Вы получаете времена в несколько сот лет, а намекаете (но, к моему удивлению, не говорите), что там значительно древнее. В этом проблема, неужели все еще непонятно?

Вы пишете - *«Более того, я даже попросил Вас провести ручной анализ и дать свое заключение, почему, по вашему мнению, калькулятор дает не просто неправильный, а неприлично неправильный результат. Но, похоже, Вы вообще не заметили эту просьбу, или просто решили ее проигнорировать».*

Еще раз повторяю, что ручной расчет и ККК (линейный метод) дают практически одинаковые результаты, и другого быть не может. Ищите свою ошибку сами.

«Я не хочу найти недостатки в Вашем калькуляторе».

А я, напротив, на это надеялся, потому и трачу время. Но пока я вижу, что у Вас какая-то системная ошибка. Более того, что Вы недоговариваете, что еще хуже.

Продолжим тогда, когда Вы найдете у себя ошибку или ошибки, и мы с Вами пойдем, в чем у Вас проблема с расчетами. Для этого Вам нужно с самого начала сообщить, что Вы принимали за TMRCA при расчетах. И больше не темнить. Это выглядит неважно.

ПИСЬМО 6

В следующем письме хронофаг пишет, что *«разговор переходит в хорошее русло, и я чрезвычайно этому рад. Несмотря на то, что я вел себя не самым лучшим образом, Вы проявили добрую волю – это дорогого стоит»*. После нескольких витиеватых, явно избыточных фраз, включая *«спешу раскрыть правду, одну только правду и ничего кроме правды»*, хронофаг раскрывает карты. Он использовал мой собственный опубликованный 111-маркерный гаплотип как базовый (предковый) гаплотип, поместив его на глубину 2500 лет назад, но вместо того, чтобы сделать для начала простое ДНК-генеалогическое дерево, для анализа которого генерировать 100 современных (то есть 2500 лет спустя) гаплотипов, хронофаг пустился опять в витиеватость, так ему присущую. Прежде чем сообщить о его витиеватости, которая и привела его к ошибке «в логике», расскажу, что дало бы простое, симметричное, без затей ДНК-генеалогическое дерево. У 100 современных потомков общего предка, который жил 2500 лет назад, в 111-маркерных гаплотипах было бы суммарно 1802 мутации (естественно, при определенной погрешности, примерно ± 90 мутаций). Тогда мы имели бы «линейную» формулу $1802/100/0.198 = 91 \rightarrow 100$ условных поколений (25 лет в каждом), то есть 2500 ± 125 лет до общего предка, как и было задумано. Можно, конечно, обсуждать величину погрешности, задавая разные условия и требования, но здесь это не так важно.

Но что же получилось у нашего хронофага? Он при своей хронофаговости начал с заковыристого ДНК-генеалогического дерева. По его модели, у патриарха, то есть общего предка, было пять сыновей, и 1875 лет всё было нормально (то есть до времени 625 лет назад), и вдруг те самые 625 лет назад все потомки померли, кроме двух. По своей хронофаговости автор модели им даже имена придумал, но не буду отвлекаться, в отличие от него. Короче, у одного выжившего потомка за последние 625 лет образовалось более двухсот его потомков. Из них для расчетов взяли 99 человек. От второго потомка, выжившего 625 лет назад, сегодня в живых остался один. Его и взяли сотым для расчетов.

Теперь мой комментарий – любой, кто хоть немного понимает в ДНК-генеалогии, видит, что перед нами типичный случай «бутылочного горлышка популяции», с общим предком примерно 625 лет назад. Это для 99 человек в выборке. Сотый будет из системы вылетать, он, в отличие от других 99, продолжает генеалогию предка, жившего 2500 лет назад, но в довольно «кривом» варианте. В общем, то, что мы и видели на дереве гаплотипов выше. Этот одиночка и есть, видимо, гаплотип под номером 1 в серии. Тот, который больше ни с кем на диаграмме фактически не связан.

Теперь вернемся к моему первому анализу этой «кривой» серии из 100 гаплотипов, который я описал в письме 4. Анализ был проведен правильно, и показал, что выборка «кривая». Вместо 1802 мутаций, которые были бы при нормальной генеалогии, без прохождения бутылочного горлышка, у хронофага оказалось 473, то есть почти в четыре раза меньше. И понятно, почему – отсчет мутаций начался заново 625 лет назад, а что было до того – «обрублено» бутылочным горлышком. Вот калькулятор КК и показал, что общий предок жил 600 ± 66 лет назад (линейный метод расчета вручную, и 610 ± 67 лет назад при использовании калькулятора, по 111-маркерным гаплотипам), в аккурат с 625 лет назад (в пределах показанной погрешности), заложенных нашим хронофагом. И он, представьте себе, пишет, что *«калькулятор дает не просто неправильный, а неприлично неправильный результат»*. Вот и давай такому что-то проверять. Такого понапишут...

Вывод из этого «эксперимента на кончике пера» довольно очевиден, и ничего нового для ДНК-генеалогии не дает. Когда система (то есть группа потомков с их гаплотипами) проходит бутылочное горлышко популяции, вся древняя ДНК-генеалогия ниже бутылочного горлышка «обнуливается». При выжившем потомке ДНК-генеалогия начинается сначала. Это – тот самый «эффект последнего из могикиан». Жаловаться на то, что калькулятор в этом случае *«дает неприлично неправильный результат»* – это только показывать отсутствие квалификации в предмете обсуждения. Калькулятор считает совершенно правильно, он видит 473 мутации в ста современных гаплотипах – из этого и исходит.

После этого мне, признаться, уже отвечать хронофагу не хотелось. Отвечать было «влом», говоря на новоязе. Не знаю, на что я рассчитывал, продолжая переписку. С одной стороны, 40-летнее профессорство вынуждало провести и относительно завершить процесс обучения того, кто откровенно ошибался. С другой – если ошибка хронофагом будет признана, то кто знает, может, какой-то толк из него выйдет в отношении ДНК-генеалогии? Тогда возможна польза. Но мне очень не нравился стиль его переписки. Начал он вежливо, даже слишком вежливо, с экивоками и подобострастными пассажами, но постепенно тон становился всё более развязным, порой просто наглым. И еще – эта болтовня, постоянные отвлечения от академического предмета обсуждения. Я еще понимаю, если бы он работал на публику, педалировал нарциссические нотки, но ведь это у нас предполагалась академическая дискуссия, во всяком случае я так ее видел. Последующая переписка показала, что это его обычная манера, с другими тоже. Подобострастность, переходящая в ерничество, фамильярность, избыточность описаний, полное отсутствие «описаний по факту».

Пересилив себя, я продолжил, переходя на более жесткий стиль. Принимать его ерничество было уже выше сил. Отвечаю:

Мне этот пинг-понг неинтересен. Я уже объяснил Вам, что Ваша модель неверна. Какие бы там узоры Вы не наводили, типа какие родственники куда перебрались. Я уже объяснил, что Ваша генерированная серия гаплотипов не может иметь общего предка более нескольких веков назад, что калькулятор и показывает. Разбирайтесь сами, что у Вас там неверно.

Повторяю опять – даже один только первый маркер (DYS393) не может переходить по цепи потомков 2500 лет, и не претерпеть ни одной мутации (как в Вашей серии). Вот пример серии из 413 гаплотипов гаплогруппы R1a-L1029, с общим предком 2752 ± 278 лет назад (без округлений), то есть TMRCA близкий к предполагаемому Вами. У него DYS393 при предковых 13 имеет 27 мутаций (одна «11», тринадцать «12», и тринадцать «14» - как видите, серия вполне симметрична). Линейный расчет дал 2750 лет до предка (с соответствующей погрешностью), ККК дал 2752 лет до предка, с подобной погрешностью. Логарифмический метод даст близкую величину, как многократно проверено.

Еще серия – N1a1, 275 гаплотипов, все три метода расчета – ККК, линейный и логарифмический дали практически одинаковые величины (ККК дал 2917 ± 316 лет до предка, без округлений). DYS393 дал больше 20 мутаций. У Вас же, при меньшем (в 2.75 раза) числе гаплотипов мутаций вообще нет.

Условия редактируйте как хотите, я не в бирюльки играю. Суть одна – у Вас есть принципиальная ошибка в расчетах. Ищите ее.

ПИСЬМО 7

Опять получаю избыточный текст. В ответ на мое четкое – *«Повторяю опять – даже один только первый маркер (DYS393) не может переходить по цепи потомков 2500 лет, и не претерпеть ни одной мутации (как в Вашей серии) в серии из ста гаплотипов»*, идет типичное словоблудие – *«Я отвечаю на это возражение теперь, т.е. после того как я подробно изложил, как мой набор из ста гаплотипов был генерирован. До этого момента, практически невозможно было объяснить ясно и доходчиво, почему так получается. Теперь, я надеюсь, это будет легче сделать. Я хочу это сделать следующим образом. Я ставлю один простой вопрос, на который Вы очень легко ответите. После того как Вы ответите на этот вопрос, у Вас наступит момент "эврика", и Вы сами поймете, что вероятность того, что в моем примере маркер DYS393 не имел большого шанса испытать даже одну мутацию»* .

Представляете? Я, по его представлениям, должен испытать момент «эврика». И это после того, что мой хронофаг ясно показал, что не имеет

представления о ДНК-генеалогии. И знаете, от чего я должен быть испытать этот момент? От крайне экзотической «генеалогии», согласно которой – хронофаг повторяется, явно не поняв ошибки, которую он ранее сделал – некто жил 2500 лет назад, и от него через 2475 лет (то есть 25 лет назад) осталось только два сына, и от них за последние 25 лет (то есть за последнее поколение) остаются только два выживших сына, от которых за одно поколение (то есть за 25 лет) рождается по 50 сыновей (!), так что у нас имеется 100 современных гаплотипов. Хронофаг наивно полагает, что общий предок для этих 100 человек жил, «естественно», 2500 лет назад. Более того, он, хронофаг, считает, что этот пример «самый убедительный». И он задает вопрос – «сколько мутаций DYS393 вероятнее всего мы увидим по всему набору этих ста гаплотипов»?

Ответ мой будет прост – поскольку мы опять имеем бутылочное горлышко популяции, всего за 25 лет до нашего времени, в «горлышке» которого сидят всего два выживших потомка, то какие у них окажутся DYS393, такие в их потомках и окажутся. Будет у них обоих DYS393 = 13, и у всех ста потомков с хорошей вероятностью будут DYS393 = 13; будет у кого-то из них DYS393 = 12 или 14, и у соответствующей ветви потомков будут такие же. Тоже мне, «эврика».

Отвечаю:

Мне уже не смешно. Вы вроде как должны быть серьезным человеком, хотя бы относительно. Вы отдаете себе отчет, когда пишете специалисту вот такое: «После того как Вы ответите на этот вопрос, у Вас наступит момент "эврика", и Вы сами поймете, что вероятность того, что в моем примере маркер DYS393 не имел большого шанса испытать даже одну мутацию»? И это пишет, называя вещи своими словами, откровенный дилетант.

Я не знаю, что произошло с системой образования в России, или с моралью дилетантов, но когда дилетант без зазрения совести пишет такое профессионалу, который обрабатывает серии гаплотипов тысячами, и ему пишет, что у него «наступит момент «эврика», Вы, пардон, в своем уме?

Короче, давайте заканчивать. Я думал, Вы серьезнее.

То, что Вы «сгенерировали», в ДНК-генеалогии, и вообще в генетике называется «бутылочное горлышко популяции». Оставляя в стороне причудливость Ваших положений, что после 2500 лет остаются два потомка, и у каждого вдруг родилось по 50 сыновей, что говорит только о Вашей экстравагантности, а в науке это определяется как ерничество, после которого желание общаться пропадает (и действительно, что бы Вам ни начать с

простой симметричной системы с патриархом 2500 лет назад, и нормальным набеганием потомков в течение всех этих 2500 лет, поскольку тогда не было бы этих бирюлек, и моих нотаций Вам), Вы создали уродливую, несимметричную систему, в которой первый гаплотип полностью вылетает из всей системы, а остальные прошли «бутылочное горлышко», и их «общий предок» жил совсем недавно. Это – так называемый эффект «последнего из могикан», когда именно «последний из могикан» является общим предком всех последующих поколений.

Потому-то в Вашей системе общий предок и жил на самом деле совсем недавно, но он к тому же еще и искажен. В итоге появилось уродливое образование с фантомным «общим предком» несколько веков назад.

Я с самого начала знал, что Ваши исходные положения абсурдны и ведут к «фантомным» расчетам. Так и оказалось.

К тому же Ваша серия гаплотипов тоже искажена. Первый гаплотип, как я сказал, выбирается из всей серии. Это видно из дерева гаплотипов (прикреплено). Если его снять, то число мутаций по всей серии резко падает, от 473 до 444. А если снять любой другой гаплотип, прошедший бутылочное горлышко, то число мутаций в серии почти не изменяется, падает, например, от 473 до 470. Это уже показывает, что серия уродлива, несимметрична, искажена.

Теперь посудите сами, зачем мне это нужно, а именно общаться с амбициозным дилетантом, терять свое время для чтения лекций по элементарным положениям ДНК-генеалогии, а дилетант продолжает ерепениться и не хочет анализировать свои принципиальные промахи. Ответ простой – мне это не нужно. Вместо того, чтобы вежливо постучаться и попросить Вас обучить основам предмета, Вы с самого начала повели себя как малограмотный наглец, если называть вещи своими именами... Зла обычно я не держу. Но если наглецы не дают задний ход, не осознают, что они делают крупную ошибку, как научную, так и дипломатическую, я их просто вычеркиваю.

Делайте выводы. Короче, если не осознаете, какую ошибку сделали, как научную, так и дипломатическую, то просьба мне больше не писать. Я, как понимаете, переживу.

ПИСЬМО 8

Получаю письмо с благодарностями за дерево гаплотипов, и с просьбами сообщить, где такую программу «можно приобрести, купить или скачать?», как ей научиться пользоваться, сколько дней или недель для этого нужно? В общем, хронофаг на пастбище, на вольных хлебах. Своих ошибок он так и не признал, продолжает считать, что калькулятор КК «дает неприлично неправильный результат», и теперь хронофаг серьезно полагает, что я продолжу его учить, снабжать программой, объяснять, как с ней работать. И здесь же цитировал «Мастера и Маргариту», в текст письма воткнул полную версию того же фильма, как будто я его об этом просил. И сюда же воткнул линк на книгу «Науку спасут дилетанты», как будто я его и об этом просил. Естественно, его запрос я проигнорировал. Как потом оказалось, это вызвало поток обид, возмущений, жалоб специалистам в попгенетике, которым он писал (исправно присылая мне копии своих писем) о том, что я секретничаю, утаиваю умение строить деревья гаплотипов, запрашивал их мнение о ДНК-генеалогии, и прочее. Все это, что разумеется для хронофага, с приведением моей фамилии в этих рассылках писем. Конечно, я прекратил с ним общение еще до того, что хронофаг исправно отмечал в рассылке писем, что я ему не отвечаю. Он это толковал как мое нежелание раскрывать секреты по части построения деревьев гаплотипов. Он писал и моему зарубежному коллеге-соавтору, и турецким попгенетикам, и изобретателю пакета программ PHYLIP, которые я использую все эти годы. Додумался до того, чтобы спрашивать изобретателя, можно ли применять этот пакет программ для построения деревьев гаплотипов. Хронофаг же. И все это с шутками-прибаутками, ерничаанием, обычной для хронофага избыточностью в тексте.

Вообще корреспонденция с хронофагом – удовольствие ниже среднего. Сильно ниже. К чему мне, например, знать, что он мусульманин? Однако же он мне и это сообщил.

ПИСЬМО 9

Отвечать я было перестал, но мой хронофаг прислал следующий набор из 100 гаплотипов в 111-маркерном формате, для «простой симметричной системы с патриархом 2500 лет назад», сообщив, что этим он удовлетворяет моё любопытство (!), и с сопровождением «прилагаю результаты для интересующего Вас симметричного случая».

Забавно, не так ли? Можно подумать, что я не знаю, как такая система выглядит и в виде дерева, и в расчетах. Это ему было надо с такой серии гаплотипов начинать. Но хронофаг на то и хронофаг, что разворачивает дело так, что якобы я этим интересовался, и вот он прислал. Сделал одолжение. С пожеланием-просьбой – «Пожалуйста, проанализируйте

эту серию гаплотипов ручным способом с генерацией дерева гаплотипов», и далее – «Мне обязательно надо получить эту программу – PHYLIP... и научиться ей пользоваться».

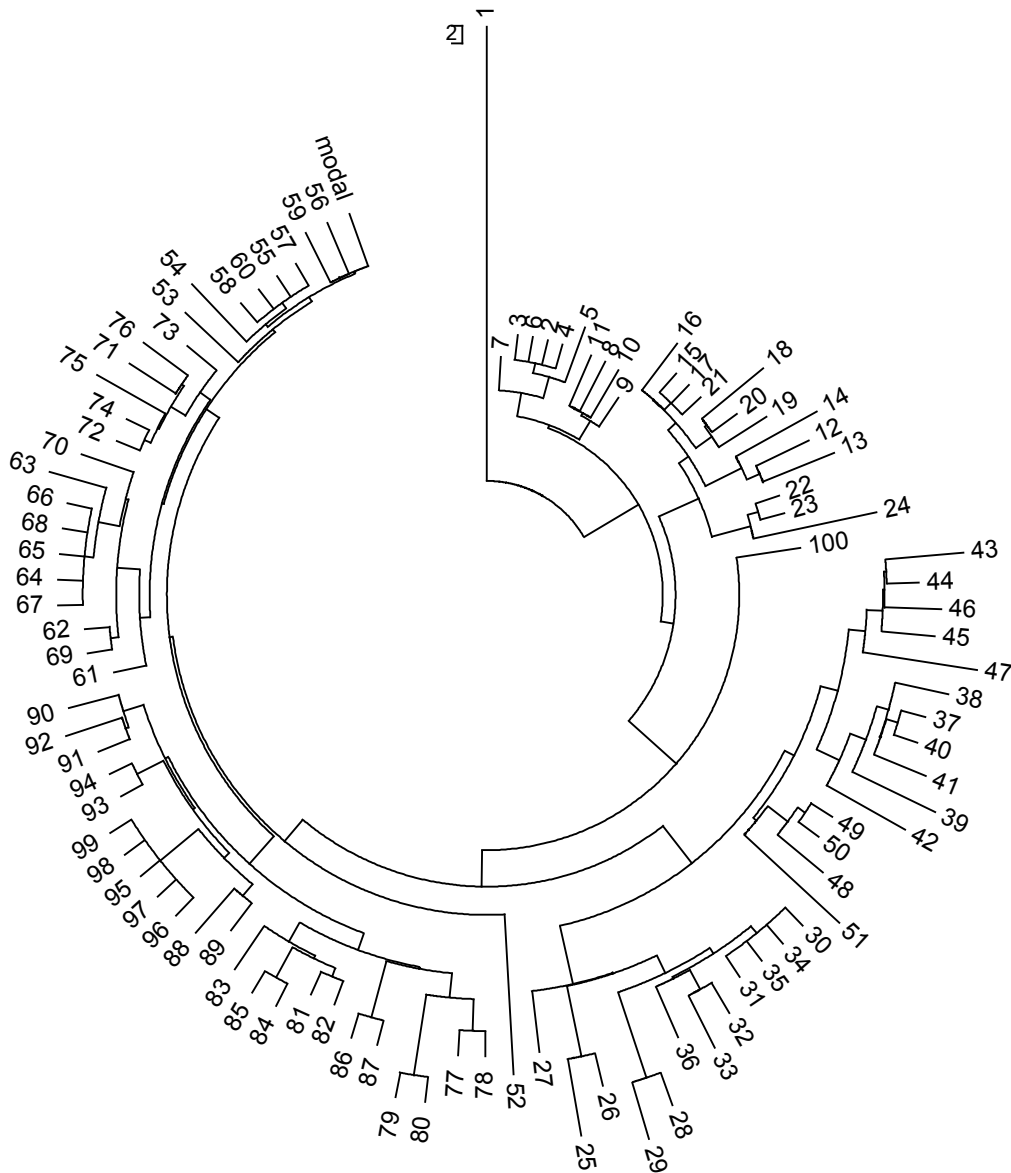
Мой ответ:

Повторяю – сначала найдите ошибку в Ваших расчетах по предыдущей серии, потом, возможно, продолжим. Вы же мои пояснения и не упомянули, просто проигнорировали, и перескочили к другому примеру, тоже дефектному. Так дело не пойдет.

Вы опять не сообщили, из какой генеалогии Вы исходили, но определенно опять не «простой симметричной». Датировки опять резко заниженные (по сравнению с 2500 лет), и скачут от панели гаплотипов к панели. Смотрите сами:

111-маркерный гаплотип	858±92 лет назад
67-маркерный	1075±118
37-маркерный	1088±123
25-маркерный	1394±166
17-маркерный	1952±229
111-маркерный, квадратичный	399±62
22-маркерный, квадратичный	193±143

И само дерево опять дефектное, никак не соответствует «симметричной серии гаплотипов», первый гаплотип опять в отрыве от всех:



ПИСЬМО 10

На следующий день приходит очередное письмо. Опять ни слова о «кривых» ранних сериях гаплотипов, как и о том, что мой хронофаг понял (если понял), в чем была его ошибка. Но прилагается очередная серия из ста 111-маркерных гаплотипов, *«генерированных в предположении, что общий предок не был одним физическим лицом, а скорее представлял группу лиц с одним и тем же гаплотипом»*.

Как видим, хронофаг упорно не хочет создать серию гаплотипов от одного общего предка, или его программа так не работает, сейчас у него *«группа лиц с одним и тем же гаплотипом»*. На мой взгляд, не должно быть никакой разницы, один там был предок, или группа предков с одним и

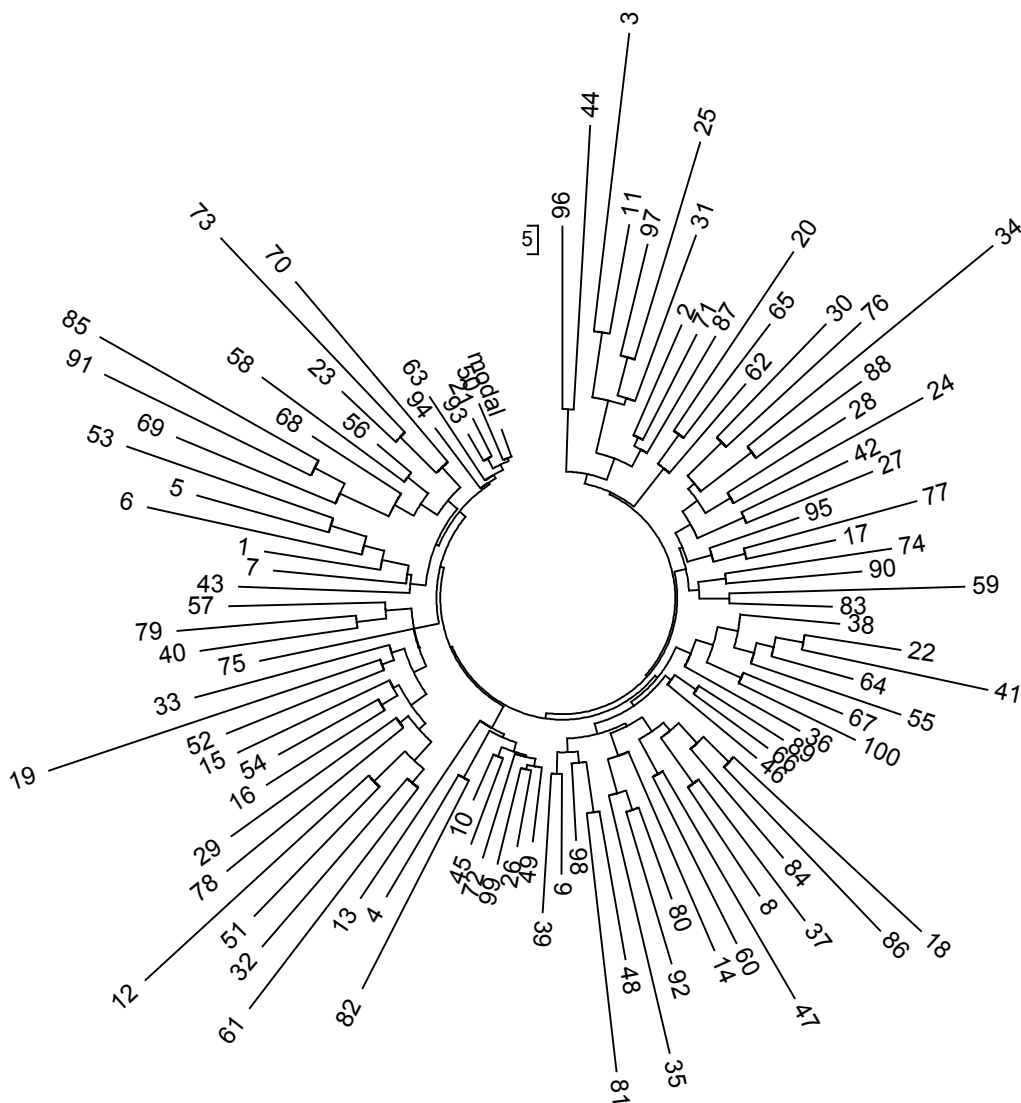
тем же гаплотипом. Возможно, для математика это представляет разницу, но практически разницы нет. Тем более что мы определяем время жизни общего предка с погрешностью в несколько веков, и был там отец с сыном, или группа родных братьев с племянниками – знать нам не дано. Пока, во всяком случае.

К этому хронофаг пишет, что *«калькулятор КК дает для этой серии очень хорошие результаты»*, и сообщает, что времена жизни общего предка, рассчитанные по всем панелям (для гаплотипов разной протяженности) *«действительно ... прекрасно согласуются между собой (2500 лет назад) - причем, пределы ошибок довольно низкие по всем панелям. Мало того, ККК абсолютно точно определил гаплотип обобщенного патриарха (базовый гаплотип, найденный калькулятором, в точности совпал с предковым гаплотипом, из которого серия была получена моей программой)»*.

И далее – *«Здесь все происходит именно так, как Вы ожидали. Тот же маркер DYS393, например, испытал 3 мутации при "положенных" 5.9 в среднем, что статистически вполне нормально»*.

Похоже, что мы приходим к пониманию моим хронофагом сути расчетов, хотя так и непонятно, зачем он вместо нормальных систем придумывает экзотические, как здесь, с группой предков. Казалось бы, логичнее начинать с простейших случаев, тем более когда он уже споткнулся на «кривой» генеалогии, которую сам создал. Ну да ладно, может, он все-таки старается.

Построил дерево гаплотипов, получилось следующее:



В общем, неплохо, хотя для 111-маркерного слишком много длинных спиц, наряду с короткими подветвями. Что-то не так, наверное, с его программой генерирования гаплотипов, хотя точно не знаю.

Смотрим в калькулятор КК. Да, совершенно другое дело, совпадение датировок для жизни общего предка действительно хорошее, как для линейного, так и для квадратичного методов расчета:

111-маркерный гаплотип	2428±250 лет назад
67-маркерный	2368±248
37-маркерный	2352±250
25-маркерный	2318±260
17-маркерный	2561±292
12-маркерный	2505±311
6-маркерный	2549±396

111-маркерный, квадратичный 2541 ± 117

22-маркерный, квадратичный 2644 ± 448

Но, собственно, я это и так давно знал. Что нового-то? Да и вообще, где обещанное заключение по «тестированию ККК», как это было заявлено ранее? Мне, правда, это заключение вовсе не нужно, я его и так знаю и знал давно, это нужно скорее хронофагу. Подумать только, десять писем пошло на то, чтобы подтвердить очевидный результат...

Пишу ответ:

Не знаю, зачем Вам понадобилось опять усложнять задачу с самого начала, а не задать просто одного общего предка, как в процитированной выдержке? Опять выкрутасы?

В любом случае, дерево получилось относительно приличное (хотя в нем просматриваются ветви, может быть, из-за «выкрутасов») и калькулятор сработал, как и ожидалось. Медленные 22-маркерные гаплотипы дали нормальный ответ при квадратичном расчете, и завышенный при линейном расчете, хотя и в пределах погрешности расчетов. Завышенный – наверное, потому, что 22-маркерная медленная панель при линейном расчете не рассчитана на времена порядка 2500 лет назад (это скорее для многих тысяч и десятков тысяч лет назад), но при квадратичном расчете вполне приемлема.

Полагаю, на этом мы можем остановиться, потому что ответ Вы получили. Я уже говорил, что много математиков пытались найти ошибки и изъяны в расчетах ДНК-генеалогии, но все приходило к выводу, что все в порядке. Вы – не исключение, но с Вами я затратил больше времени, чем на других, и что печально – ничего нового при общении с Вами я не усвоил. Мне это неинтересно. С Килиным мы получили ККК – видите разницу в продуктивности общения? А что получили с Вами? Меня не устраивает роль ментора при амбициозном «проверяльщике», который к тому же занимается выкрутасами. Это не есть для меня продуктивное инвестирование времени.

Все остальное – сами, пожалуйста.

Всего наилучшего. Когда собьете неоправданные амбиции, освоите основы ДНК-генеалогии, и предложите САМИ что-то интересное, то добро пожаловать. Только при том условии, что не будете растекаться мыслью, цитировать классиков литературы, и оставите игривый тон в стороне.

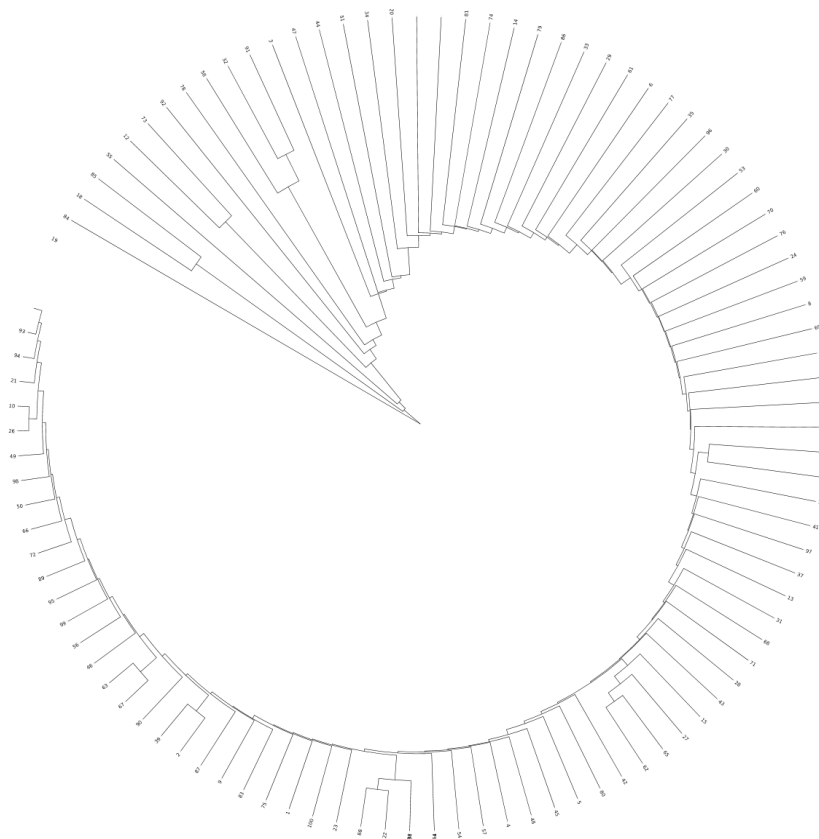
ПИСЬМО 11

Получаю объемное письмо, несколько страниц убористого текста. Пошли эмоции, фамильярно-хамские. Хронофаг удивляется, недоумеваает, что он пытается меня развлекать, знакомить с хорошей литературой, а я не отвечаю соответственно и недоволен. Что самое занятное – утверждает, что все его предыдущие примеры были правильные, просто что с одним общим предком *«Ваш калькулятор не работает в рассмотренных мной случаях»*. Похоже, он так ничего и не понял. Опять говорит о том, что при генеалогии с одним общим предком *«разве можно пользоваться линейным методом?»*. И тут же пишет, что *«когда Вы применяете линейный метод в сочетании с логарифмическим методом в качестве критерия для проверки «чистоты» выборки, это не вызывает у меня особого беспокойства»*.

Как свое достижение, хронофаг пишет – *«Я показал Вам случаи, где калькулятор не работает, и показал случаи, где он работает»*. Представляете? То есть он полагает, что при наличии в генеалогии бутылочных горлышек, калькулятор «не работает». Он, хронофаг, так и не понял, что при бутылочных горлышках в системе вся древняя генеалогия (до горлышка) обрубаается, и калькулятор не может знать, что там было до «обнуления» генеалогии. Ему, калькулятору, дают только то, что стало развиваться после прохождения бутылочного горлышка. А хронофаг пишет о том, что таким образом он выявил в калькуляторе КК *«очень много изъянов»*, и что я узнаю об этом *«из других источников»*.

Отвечать я не стал. Случай довольно безнадежный.

Потом ко мне пошли копии писем, которые хронофаг стал рассылать другим специалистам. У моего зарубежного коллеги-соавтора он допытывался, какой раздел программы PHYLIP тот использовал в расчетах. Он не знал, что тот вообще ничего не рассчитывал, но поставлял таблицы гаплотипов обширной ДНК-генеалогии своего клана, и активно участвовал в обсуждении материалов опубликованной статьи. Коллега так и ответил, что никакой PHYLIP не использовал. Отсюда хронофаг сделал вывод, что я и с коллегой секретничал, и стал писать об этом другим. У турецких популяристов он интересовался тем, зачем они разработали и опубликовали другой метод анализа филогении, когда доступен подход PHYLIP? И почему они анализировали гаплогруппу G, что, и у них такая же? С третьими он поделился своим вариантом дерева гаплотипов, хотя они его об этом и не просили:



В числе других он обратился и к основному разработчику пакета программ PHYLIP, сообщив, что турецкие специалисты (ответа от которых не получил), видимо, не считают PHYLIP подходящим для создания деревьев гаплотипов. Замечаете стиль хронофага? Не получив ответа, он уже сам додумывает их мотивы, и оповещает об этом других. Разработчику он тоже сообщает, что я держу способ использования PHYLIP в секрете. То-то разработчик, видимо, удивился, поскольку этот пакет программ используют по всему миру для самых разных проектов, совсем не связанных с гаплотипами. В завершение хронофаг спросил разработчика, можно ли использовать пакет PHYLIP для построения деревьев гаплотипов, и что тот думает о ДНК-генеалогии как новой области науки?

Разработчик программы, видимо, мало что понял, поскольку ответил, что, конечно, можно, особенно для анализа нуклеотидных последовательностей. И что вообще гаплотипы желательно превращать в частоты генов и использовать программу Gendist, но это не лучший вариант. А лучше использовать a better distance method, как, например, the delta-mu-squared distance, ну, и так далее. Но если используются данные нуклеотидной последовательности Y-хромосомы, то можно использовать программу Dnaml, а также программы MrBayes, RAxML, PhymI, RAUP*, и Mega. В общем, для хронофага просто подарок – теперь можно обсуждать это с разработчиком до бесконечности, особенно про

секвенирование Y-хромосомы. На вопрос, что тот думает о ДНК-генеалогии как новой ветви науки, разработчик ответил дипломатично, что, мол, всё в науке можно рассматривать как новую ветвь, и любую новую научную статью можно рассматривать как установление «новой ветви».

Естественно, хронофаг тут же ответил разработчику, не забыв прислать копию и мне, перемежая свое письмо ему прибаутками, в общем, как обычно, и к моей радости, что он переключился на другого. Поскольку я не отвечал, поток писем и копий писем ко мне постепенно прекратился.

Опасайтесь хронофагов. Слов от них даже много, толку – никакого.

Прямая Линия

А.А. Клёсов

Часть 3

Как и в предыдущих двух выпусках «Вестника», большую часть и этого выпуска занимает изложение содержания «Прямой линии», которая работала на сайте «Переформат» с начала апреля 2016 года, и затем, в июле 2017 года, перешла на ресурс https://vk.com/topic-86388164_35615940. На Прямой Линии поднимались и продолжают подниматься важные вопросы ДНК-генеалогии, и не только ее, но и порой общие вопросы, порой и отчасти развлекательные. Было бы неправильно, если такое обилие информации осталось погребенным в глубинах сетевого архива. Поэтому настоящей публикацией мы продолжаем перевод «Прямой линии» в информационный и научный оборот. Структура «Прямой линии» оставлена без изменений, и с минимумом редакционных правок.

Евгений говорит:

[19.09.2016](#)

Интерпретация результата теста в Лаборатории ДНК-генеалогии

Спасибо за расшифровку теста. Неспециалисту все равно не все понятно. Я, честно, как субъект современной толпоэлитарного общества, не смогу разобраться до конца в премудростях всех этих формул – не изучал эту науку, и учителя биологии в школе были просто учителя – не больше... Без сравнительного анализа трудно разобраться, нет ссылок на родственные связи... все равно ведь, по имеющейся базе данных, уже можно более конкретно узнать... Если по расшифровке по родне не меньше 3500 лет, то должны быть еще роды с которыми мы связаны... не только по формулам, но и по именам. Я смотрел ролики с Клёсовым Анатолием Алексеевичем, и там он нашел чуть ли не фамилии... У нас с этими революциями и войнами сколько архивов было уничтожено, люди совсем потерялись... Не надо в родню набиваться, но знать нужно... это важно для детей, наших детей. Было бы здорово, чтобы и на карте это все отображалось, как регион определенного нахождения... и эти карты должны обновляться... Вся моя родня прожила в Сибири и на Д. Востоке последние 100 лет, в основном. Вообще, эта опция возможна?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[20.09.2016](#)

К сожалению, неясно, что именно Вам «не все понятно». Если непонятны формулы – это для многих нормально, интерпретации пишутся для людей разного образовательного уровня. Нередки комментарии типа «я кандидат физико-математических наук, я не вижу у Вас расчетов дисперсии и математического анализа погрешностей». То есть не удовлетворены «популярным» уровнем объяснений. Поэтому мы вынуждены придерживаться «золотой середины», и если формулы непонятны – пропускайте их, в них всё правильно.

Сравнительный анализ, на отсутствие которого Вы сетуете, в интерпретации как раз есть. Суть сравнительного анализа – в рассмотрении дерева гаплотипов, там Ваш гаплотип сопоставляется со многими тысячами других (для дерева представлены более восьмисот, с остальными Вы имеете другую гаплогруппу, поэтому точно не родственники на глубину в десятки тысяч лет). Поэтому не очень понятно, о каком отсутствии сравнительного анализа Вы пишете. Дерево гаплотипов – это и есть «ссылки на родственные связи», поэтому опять же непонятно, о каких «родственных связях» Вы пишете. Вы хотите увидеть там своего дядю? Если дядя прошел тест на ДНК, то его гаплотип также будет на дереве. Если он (и другие родственники) такие тесты не прошли, то их там не будет по понятным причинам.

Вы пишете – «должны быть еще роды с которыми мы связаны... не только по формулам, но и по именам». Строго говоря, если род другой, то по именам Вы с ними никак не можете быть связаны. Там другое генеалогическое дерево, и не только ДНК-генеалогическое, но и обычное, «документальное». Но возможно, Вы под «родом» имеете в виду что-то другое. Тогда принцип тот же, что описан в параграфе выше – если те «имена» не прошли тест на ДНК, то как мы о них узнаем? Как можем сравнить?

>> Я смотрел ролики с Клесовым Анатолием Алексеевичем, и там он нашел чуть ли не фамилий...

Разумеется. Это были именно случаи, когда родственники, даже не зная, что они родственники, сделали себе тест на ДНК. И нашли друг друга. В статье на Переформате описан пример, когда человек, прошедший тест на ДНК в нашей Лаборатории, совпал по гаплотипу с русскими князьями-рюриковичами. Вот Вам и фамилии. Теперь ему надо уточнить ряд деталей, чтобы выяснить, насколько родство близкое. Если это ему, конечно, нужно.

Интерпретация показала, что Вы – из рода R1a, группа R1a-M458, подгруппа центрально-европейская. У нее богатая история, которая кратко суммирована в завершающем абзаце интерпретации. Если Вы

хотите узнать глубже – этим нужно заниматься, как, впрочем, и при изучении документальной генеалогии. Начните со статей на Переформате, затем – книг по ДНК-генеалогии, они перечислены на сайте Переформат, в книгах есть ссылки на научные статьи, если Вы хотите узнать свою историю еще глубже. Я, например, провел много времени при изучении архивных материалов, есть архивы местные, церковные, областные, военные, государственные.

Но, возможно, Вы ждете чего-то другого, попробуйте это сформулировать хотя бы для себя. А именно, что вы хотите, чтобы знали ваши дети. Я, например, узнал на этом пути много, даже книги опубликовал. Путь ваших предков был непростой – со своей R1a-M458, по происхождению западно-славянской, они попали в Казахстан, оттуда – в Сибирь и на Дальний Восток. Вот вам и канва для исторического расследования. По архивам найдите своих предков, их родственников, в архивах есть масса материалов. Уж на что мои Курские архивы прошли испытание войной и пожарами, а в них я нашел массу информации. Так что не стоит заранее рисовать мрачную картину, надо просто работать в этом отношении. А когда составите картину своего рода по документальным материалам, тогда и организуйте среди них ДНК-тестирование. Многие сейчас открывают фамильные проекты, построенные именно по такому принципу. Именно так я нашел свою фамильную деревню, и проверил нескольких дальних родственников (на 400 лет вглубь) по ДНК, все сошлось.

Вадим говорит:

[24.09.2016](#)

Тема: скандинавские субклады, аланы

Здравствуйтесь, уважаемый А.А. Клёсов. С великим удовольствием слежу за вашей просветительской деятельностью и благодарю за просвещение, которое разрушает мифы и идеи национализма. У меня к вам есть несколько моментов:

- 1) Подскажите, пожалуйста, скандинавские J2, J1, G2 имеют свое происхождение с Кавказа? В какой степени родства они находятся с кавказскими гаплогруппами? Возможен ли по времени приход их в Скандинавию с младшей скандинавской R1a и Q, как вы это указывали в своей работе?
- 2) Есть ли степень родства чеченских Q и скандинавских?
- 3) В [вашем видео](#) вы сообщили, что в аланских раскопках нашли все три гаплогруппы. Не могли бы вы подробнее написать мне о них. И есть еще один важный момент, к какому именно периоду относятся эти

захоронения? Мое мнение, что ошибочно использовать захоронения алан на Кавказе в после-гуннском периоде. Так как после своего разгрома аланы могли бежать на Кавказ и укрываться у кавказских племен, смешиваясь с ними, а значит в захоронениях будут уже смешанные ДНК, что даст неверную информацию о происхождении алан. Мое мнение, что для установления истинного происхождения алан необходимо брать данные из захоронений только вокруг Азовского региона (как центра алан), а не из предгорий Кавказа, и только с периода 1-3 веков н.э. Я очень буду рад вашему ответу.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.09.2016](#)

>> *Подскажите, пожалуйста, скандинавские J2, J1, G2 имеют свое происхождение с Кавказа? В какой степени родства они находятся с кавказскими гаплогруппами?*

Уважаемый Вадим, видимо, настало время переходить к принципу самообеспечения, хотя бы в некоторой степени. Если вас вопрос интересует на уровне «а мне любопытно», как не раз отвечали задающие вопросы, то мне вряд ли стоит сейчас погружаться в базы данных, которые растут день ото дня, чтобы обновить имеющуюся у меня информацию и вам сообщить. На это уйдет ценное время. Если же у вас несколько больше, чем простое любопытство, то предлагаю вам ответить на этот вопрос самому. Для этого находите в поисковой системе (например, Google), соответствующие проекты FTDNA, находите в них скандинавские и кавказские гаплотипы и субклады, сравниваете друг с другом и получаете ответ на поставленные вопросы. Если вам затруднительно сравнивать гаплотипы друг с другом, пришлите мне их список, я помогу. Например, построю дерево гаплотипов, из которого сразу будет видно, находятся ли скандинавские и кавказские гаплотипы в одних и тех же ветвях, а база данных обычно указывает, какому субкладу принадлежит данный гаплотип.

Это не так сложно, но требует затрат времени. Например, база данных FTDNA гаплогруппы J2 находится [по ссылке](#), в ней около 4000 гаплотипов, из них 22 гаплотипа отмечены, как шведские и норвежские. Все они распределены по секциям в соответствии с их субкладами, так что сразу видно, есть ли рядом, в той же секции, кавказские гаплотипы. Как видите, это требует некоторого исследования. Но результаты будут полезными – по ним вы можете написать статью в Вестник Академии ДНК-генеалогии, или сами, или с моей помощью, и не просто услышать от меня ответ на вопрос, заданный вами выше (а я ведь могу ошибиться, не так ли?), но сами в нем разобраться. Если, повторяю, это вас действительно интересует, а не «просто так».

>> Возможен ли по времени приход их в Скандинавию с младшей скандинавской R1a и Q, как вы это указывали в своей работе?

Я, признаться, не припоминаю, в какой работе я об этом сообщал. И вообще, откуда могла придти в Скандинавию «младшая скандинавская R1a»? С Кавказа? Там нет скандинавских R1a-Z284, насколько мне известно. Во всяком случае, в сколько-нибудь статистически заметных количествах. Но подход, который обрисован выше, поможет вам ответить и на этот вопрос.

>> Есть ли степень родства чеченских Q и скандинавских?

То же самое, подход обозначен выше. Я этим специально не занимался, хотя технически это выяснить совсем нетрудно. И не просто неопределенное «степень родства», а намного более конкретно.

>> В вашем видео вы сообщили, что в аланских раскопках нашли все три гаплогруппы. Не могли бы вы подробнее написать мне о них.

Вскоре выйдет очередная статья на Переформате о миграциях ариев, в ней есть раздел «Ископаемые гаплогруппы R1a скифов и алан между Доном и Волгой». Там же указаны и датировки, это 5-6 и 8-9 вв. нашей эры.

>> Мое мнение, что ошибочно использовать... Мое мнение, что для установления истинного происхождения...

Мнение – дело хорошее, но есть хорошее правило: проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Вообще понятие «истинное происхождение» в данном контексте является более чем двусмысленным. Факт – это найденные костные останки. Факт – это определение их гаплогруппы и гаплотипа, если проведено грамотно, и доказано, что это так. Все остальное – интерпретации. И только совокупность интерпретаций при их полном согласовании дает определенный вывод. Слов «истинное происхождение» в нем все равно не будет, оно ненаучное. А уж что «ошибочно использовать», и что «неошибочно» – давайте оставим специалистам, которые производят раскопки, анализируют ДНК, делают выводы и их публикуют. Их выводы, кстати, тоже могут оказаться «ошибочными», но заявлять об этом нужно с обоснованиями в руках, а не с предварительными «мнениями».

Не сочтите мои последние комментарии резкими, но это жизнь, а она, как известно, сложнее схемы. Данные из захоронений в указанный вами период тоже могут относиться, например, к рабу, пленному, проезжему торговцу, и так далее, вариантов много.

Вадим говорит:

[25.09.2016](#)

Спасибо большое за ваш ответ и уделенное мне время. Я понимаю вас, что к вам поступает много вопросов и тратить время на ответы всем – дело нереальное, да и бессмысленное. Тем более вы занятой человек. Постараюсь вам объяснить свою позицию. Я спрашиваю вас не из любопытства. Дело в том, что я хочу написать скромную работу по этой теме (асов и алан) и направить вам (если согласитесь) на проверку, корректировку в случае ошибок и публикацию. Почту за честь сотрудничество с вами. Пока отвечу на пару моментов для лучшего взаимопонимания.

>> Если Вам затруднительно сравнивать гаплотипы друг с другом, пришлите мне их список, я помогу.

Вы действительно правы, моих знаний в ДНК-генеалогии не хватает, и не очень разбираюсь в таких тонкостях. Поэтому обратился к вам как к уважаемому мной специалисту.

>> Я, признаться, не припоминаю, в какой работе я об этом сообщал.

Я имел в виду вашу работу «Миграции из южной Сибири и Средней Азии в северную Европу с точки зрения ДНК-генеалогии» (Рожанский и Клёсов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 3, № 1, 2010, январь).

>> Мнение – дело хорошее, но есть хорошее правило: проводить конкретный анализ в конкретной ситуации.

Согласен с вами. Это всего лишь мнение-предположение, и оно может быть ошибочным. Я на нем не настаиваю. Просто предполагаю, что для установления «подлинного происхождения» асов – алан (насколько это, конечно же, возможно в наших силах и учитывая возможные погрешности) правильнее будет использовать археологические данные по аланам не позднего периода (после гуннского нашествия и на терр. Сев. Кавказа), а ранние 1-3 веков и в районе именно Дона-Азова-Меотиды. Причина в том, что «исконные» аланы обитали именно на этой территории и именно в данный период. После же гуннского нашествия аланы были рассеяны и бежали на Сев. Кавказ, спасаясь в горах как в естественной более защищенной местности, но где уже обитали местные племена кавказцев (возможно G, J2, J1). В ходе этой миграции могла произойти ассимиляция, где небольшие группы алан вошли в состав местных племен-аборигенов, передав имя сам этноним (алан-ас-ос).

Все, что я смог найти, это вот эти ссылки на ФТДНА:

[Норвежский проект](#)

[Шведский проект](#)

[Датский проект](#)

[Чеченский проект](#)

[Ингушский проект](#)

[Карачай-балкарский проект](#)

К сожалению, моих знаний недостаточно по ДНК генеалогии (кроме гаплогруппы и ее снипа подробностей не знаю...) и поэтому исходя из принципа: «не знаешь сам – спроси у знающего» – к вам обратился. Не хочу повторить тупиковый путь любителей-фантастов-самоучек-кухонных историков. Лучше обратится на весомый аргумент настоящего ученого специалиста.

Я исхожу из моего анализа (который может быть ошибочным), что:

а) если родство R1a и Q из археологических данных по Азову-Дону + кавказских данных сходится с скандинавскими, то это говорит о том, что «исконные» асы – аланы были кочевым племенем, смешанным из R1a и Q, европеоидно-монголоидным. В ходе гуннского разгрома часть с Одином ушла на Север, а часть спаслась в горах Кавказа.

б) если помимо родства R1a и Q выяснится, что в археологических раскопках 1-3 веков в районе Азова-Дона найдены G, J2, J1 или найдено близкое родство кавказских G, J2, J1 с скандинавскими, то это еще более докажет, что асы-аланы были более смешанным племенем, где помимо степных арийско-тюркских гаплогрупп были и кавказские. Выводом станет, что асы-аланы были мультикультурным этносом, произошедшим от смешения самых разных племен (арии + тюрки + нахские народы + адыгские).

Конечно, еще больший ответ был бы получен после анализа ДНК высшей аристократии Европы. Тем более, что у Плантагенета-Сомерсета (английские короли, произошедшие от франкских анжуйских кровей) найдены G, и то же найдено у аристократии Меровингов. Очень буду рад, если вы уделите время для изучения этого моего вопроса. Если же не ответите, то я понимаю вашу загруженность и в любом случае буду благодарен. С уважением, Вадим.

И. Рожанский говорит:

[25.09.2016](#)

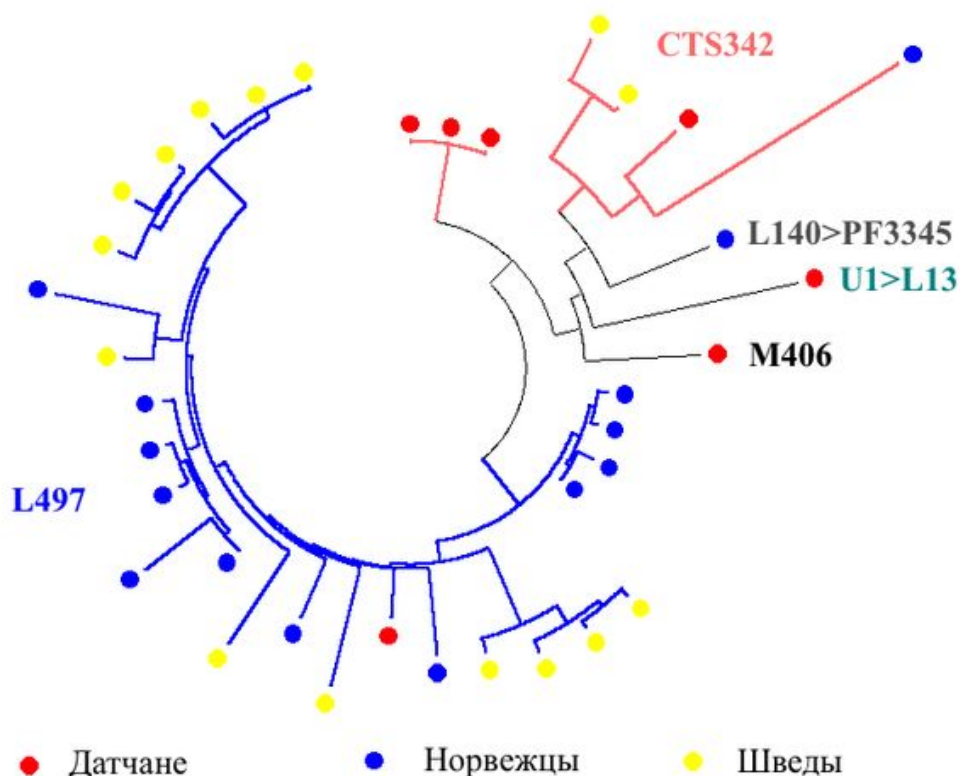
>> Возможен ли по времени приход их в Скандинавию с младшей скандинавской R1a и Q, как вы это указывали в своей работе?

>> Я, признаться, не припоминаю, в какой работе я об этом сообщал.

Это вопрос из серии «мы говорим Ленин, подразумеваем – партия, мы говорим партия, подразумеваем – Ленин». Вариант с приходом младшей скандинавской ветви со стороны предлагал я в статье «Загадка кимвров. Опыт историко-генеалогического расследования», опубликованной в Вестнике Академии ДНК-генеалогии в 2010 году. За прошедшее время изложенная в ней концепция была существенно переработана. С ней можно ознакомиться в статье «Загадка кимвров» в 1-м номере журнала [«Исторический формат»](#) за 2016 год.

По состоянию на сегодняшний день, младшую скандинавскую ветвь (R1a-L448) можно уверенно отнести к автохтонным для Северной Европы. Ее путь прослеживается по цепочке сипов Z282 > Y2395 > Z284 > S4458 > S5301 > S5153 > L448 до расхождения «пред-скандинавской» ветви Y2395 с центральной евразийской Z280 и «пред-центрально-европейской» PF6155. В течение 5000-5500 лет, прошедших с тех пор, и до начала экспансии викингов представители скандинавских линий практически не покидали свои родные места.

При подготовке статьи для «Исторического формата» я подготовил список из 2714 гаплотипов датчан, норвежцев и шведов с географических проектов, так что не составило большого труда прокомментировать вопросы по поводу гаплогрупп G2a, J1, J2 и Q. В этом списке по состоянию на декабрь 2015 года было 39 представителей гаплогруппы G2a из 2714, то есть менее 2%. Вот как распределились по субкладам 36 гаплотипов в 37-маркерном формате:



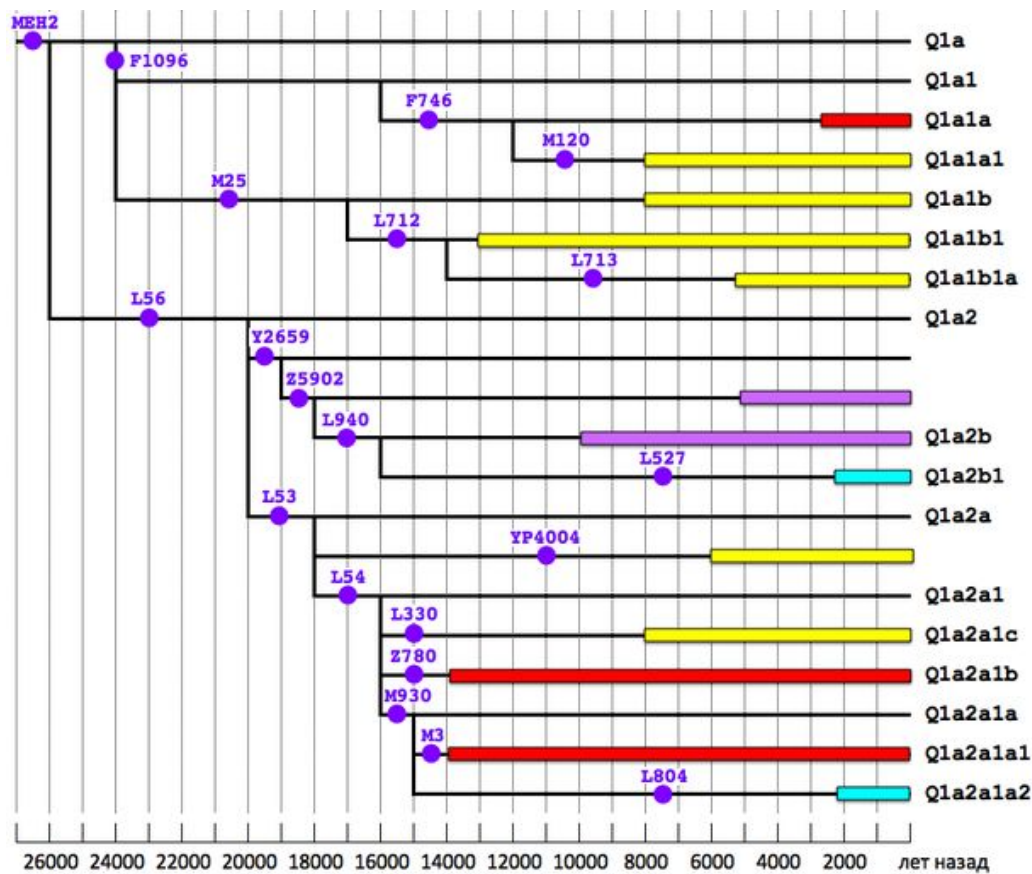
Более 70% (26 из 38) скандинавов гаплогруппы G2a приходится на субклад L497, зародившийся, очевидно, в Западной или Центральной Европе в раннем неолите и с тех пор не покидавший этот регион. Еще 7 участников (из них 3 близких родственника) попадают в субклад CTS342, рассеянный во всем ареале гаплогруппы G, но практически отсутствующий на Кавказе. Еще 3 участника в единственном числе представляют разные субклады, ни один из которых также нельзя назвать специфическим для Кавказа. Подробнее с географией гаплогруппы G по регионам можно ознакомиться в разделе «Гаплогарты» [на сайте Академии ДНК генеалогии](#).

Далее, в выборке со скандинавских проектов есть всего два представителя гаплогруппы J1. Это меньше, чем даже у экзотической A1a, так что обсуждать, собственно, нечего. Скажу лишь, что один из этих уникалов принадлежит к чрезвычайно редкой европейской ветви J1-L1189.

Гаплогруппа J2 также балансирует на грани порога обнаружения. В выборке она представлена 24 участниками из 2714. Из них более половины (13 из 24) приходится на субклад J2b2a-L283, рассеянный по всей Европе, но отсутствующий за ее пределами, в том числе и на Кавказе. На втором месте с 5-ю гаплотипами идет субклад J2a1b-M67 – один из основных на Кавказе. Однако при ближайшем рассмотрении два

участника оказываются из ашкеназийской «ветви Ротшильдов» субклада L210, о чем говорит и фамилия их предка, жившего в Дании в конце XVIII – начале XIX века. Еще двое, из ветви Y3612, «этнообразующей» для чеченцев и ингушей, представляют молодую (около 750 лет до предка) ветвь, найденную у цыган Венгрии, Боснии и Косова, где ее доля доходит до 25%. Родство этой цыганской ветви с вайнахскими весьма дальше, на уровне 3500-4000 лет до общего предка. Пятый представитель субклада M67 пока остается «нетипированным», и о его происхождении говорить сложно. Три участника проектов принадлежат к вездесущей молодой (около 3200 лет до предка) ветви J2-L70>Z345, которую можно условно назвать ветвью «народов моря». Остаются три одиночных гаплотипа, для одного из которых отнесение неизвестно, а двое других принадлежат к довольно редким субкладам J2a1-Z6064 и J2a1-Z6065. Как в случае с G2a и J1, никого кавказского следа здесь не обнаруживается.

На вопрос о родстве чеченских и скандинавских Q проще всего ответить, показав их места на упрощенном дереве гаплогруппы Q1a:



Для наглядности, ветви, специфические для Америки, отмечены красным цветом, Северной и Восточной Евразии – желтым, Передней

Азии, Закавказья и Европы – фиолетовым. Скандинавские ветви раскрашены в голубой цвет. Чеченцы принадлежат к ветви, не имеющей пока своего обозначения в ISOGG. Ее характеризует снип YР4004, найденный также у селькупов из Западной Сибири. По имеющимся сейчас данным, специфическим для коренных народов Сибири можно считать субклад L330, который в единичных экземплярах найден и у европейцев. Как YР4004, так и L330 находятся в чрезвычайно дальнем родстве со скандинавскими линиями.

Вывод: в имеющейся выборке Y-ДНК из Скандинавии отсутствуют линии, которые могли бы указывать на миграцию с Кавказа в течение последних 5000 лет.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.09.2016 в 22:26](#)

>> ...я хочу написать скромную работу по этой теме (асов и алан)...

Уважаемый Вадим, написать работу – дело хорошее, это вообще один из высших уровней интеллектуального удовольствия, но при этом надо понимать, зачем и для кого это пишется. Один вариант – для себя, чтобы собрать данные, их проанализировать, систематизировать и прийти к определенным выводам, более или менее оригинальным, новым, необычным. Ощущение того, что вам открылось нечто, неизвестное и непонятое другими, является мощным позитивным творческим стимулом, приносящим то самое интеллектуальное удовольствие. Но на этом в наше время, как правило, не останавливаются. Дальнейшее желание, вполне естественное, это опубликовать свои результаты, поделиться с другими. Раньше, в доинтернетовскую эпоху, об этом обычно не было и речи. Помните, у Галича –

Ох, как мне хочется, взрослому,
Потрогать пальцами книжку,
И прочесть на обложке фамилию,
Не чью-нибудь, а мою!
...То книжку-то можно?! Книжку!
Ее – почему никак?!

Теперь опубликовать что угодно – нет ничего проще. Вопрос только в том – зачем и для кого? Самый простой вариант, говоря об исторических реконструкциях – это то, что я назвал «гибридной историей». Это – довольно распространенный жанр среди любителей истории. Историки им, как правило, не интересуются, и в своих журналах не публикуют. Но его нельзя назвать «альтернативной историей», потому что никакой «альтернативности» здесь нет. Автор не трактует известные данные «альтернативно», приходя к другим выводам, чем принято среди

историков. Нельзя назвать это и «фолк-истори», потому что последнее – обычно результат фантазийных построений, которым придается вид якобы исторического исследования, но построенного в виде беллетристики. «Фолк-историк» обычно фантазийно пересказывает в основном известные положения археологии и их принятую (не обязательно верную) трактовку.

Гибридная история – это отдельный жанр, который в последнее время набирает популярность в сети, и настало время дать ему некоторую оценку. Условно говоря, это «перекидывание мостиков» и «срезание углов», причем эти действия часто «подкрепляются» использованием понятий ДНК-генеалогии. К чему это приводит? В исторических науках, в археологии часто имеет место фрагментарное описание находок, событий, явлений. Фрагментарное – потому что между ними не выявлено связей. Например, в Анатолии (Малой Азии) обнаружены и описаны остатки древних сооружений. Понятно, что они оставлены людьми, но какими именно – данных нет. Нет письменных свидетельств, нет самоназваний их племен, не выявлены их связи с другими древними людьми. И на Британских островах найдены древние сооружения, и тоже непонятно, кем они были возведены, и кто были те люди. Никакой историк не станет фантазировать о том, что это были за люди, если нет прямых данных. Так в истории не принято. Если данные есть – к ним позволительно делать интерпретацию, но тоже в жестких рамках того, что известно и описано, на что можно дать академическую ссылку.

И вот появляется представитель «гибридной истории». Он принимает (предполагает, полагает, выставляет гипотезу), что те, в Анатолии, и те, на Британских островах, это одни и те же люди, в смысле один род, скажем, гаплогруппы R1a. И исходя из этого строится дальнейшее повествование. При этом то, что начиналось с предположения, далее переходит как бы в факт, и продолжается уверенное описание на основе этих «фактов». То, что у историков и археологов было разрозненным и несвязанным, у «гибридного» автора приобретает «генетическую связь», «цельность» в описании. При этом «гибридный историк» искренне удивляется, если его критикуют за его «срезание углов» и «перебрасывание мостиков». Он же выставляет гипотезу, разве не так? И всё связывается, с его точки зрения. Более того, при дальнейших исследованиях это может подтвердиться. И тогда получается, что за «гибридным историком» – право и честь первооткрывателя.

Да, может оказаться, что и те, в Анатолии, и те, на Британских островах, имели гаплогруппу R1a, и это может выявиться при изучении ископаемых ДНК. А может, оказаться, что это были носители гаплогруппы G2a, или I, или E1b, или H, или J, или любой другой. Как будет реагировать на это «гибридный историк»? Да никак, он же просто гипотезу выдвинул, а что оказалась не так – это не его вина или другая

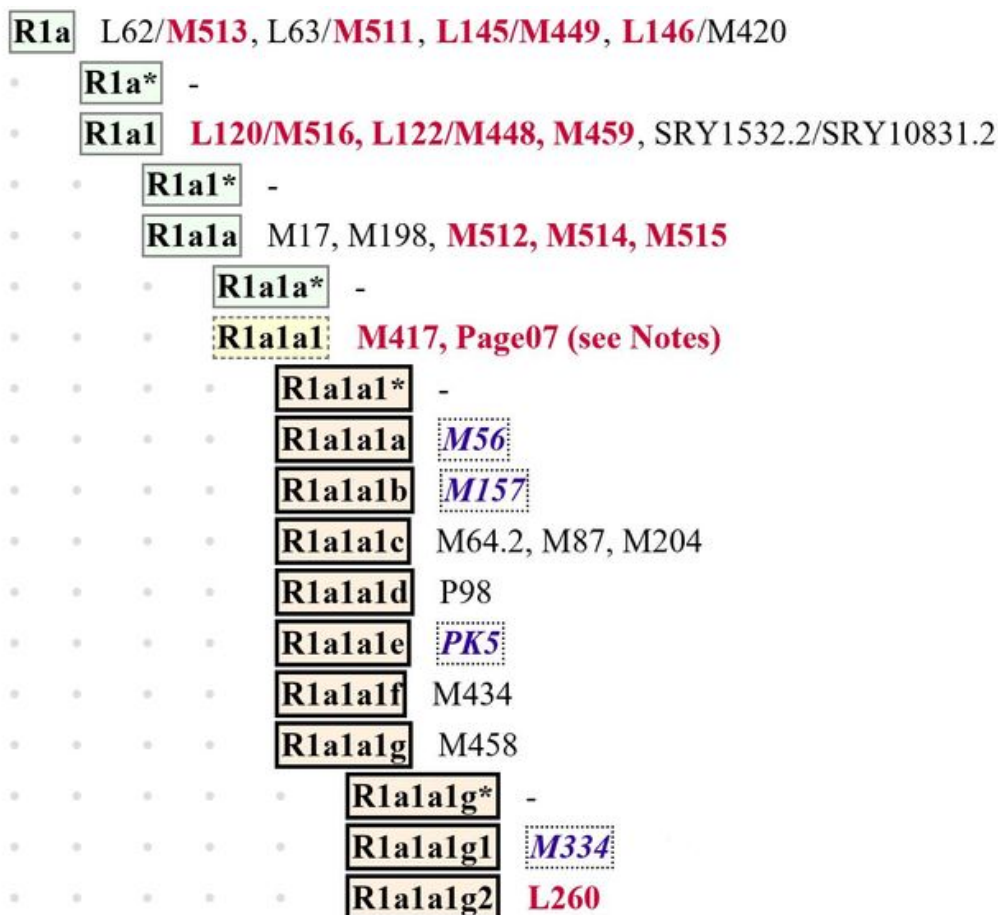
ответственность. Но тогда это просто лотерея, а не честь первооткрывателя. Выиграть в лотерею – это не сделать открытие. Это просто случайно угадать. Именно потому науку эта «гибридная история» не интересует. Другими словами, «гибридный историк» берет положение, типа «в огороде бузина, а в Киеве дядька», что в русском языке есть эквивалент несвязанных явлений, и делает предположение, что ту самую бузину в огороде посадил дядька из Киева, который приехал в огород на побывку из армии, а служил он в Закавказском военном округе. И далее идет разворачивание описания событий. Но основные элементы истории – бузина и дядька, причем именно в Киеве – присутствуют, и на этом все строится. Там нет «альтернативной» истории.

Как я отношусь к такой «гибридной истории»? Это зависит от аудитории. Если аудитория о ДНК-генеалогии и вообще об истории имеет понятие весьма ограниченное – то нормально отношусь. Такие «истории» помогают новичкам узнать о ДНК-генеалогии, уяснить для себя основные понятия, узнать много неизвестных для них сведений из истории и археологии. Чего же здесь плохого? А то, что им сообщают не совсем выверенные, а то и ошибочные сведения по истории гаплогрупп – то это не страшно, они им и не пригодятся, так, занимательный фон. Если аудитория продвинутая, то они сразу увидят, что сведения о гаплогруппах фантазийные, и автора «раскусят». А в остальном и они узнают для себя много нового, как в изложении ниже. Плохо ли? Если читатель настолько заинтересуется, что станет сам изучать вопрос, а то и подойдет к профессиональному уровню, то довольно скоро увидит, что ничего в этой «гибридной истории» нет, кроме по сути беллетристики. Но кто сказал, что беллетристика – это плохо?

Поэтому Вам, уважаемый Вадим, надо определиться, на каком уровне проводить свое исследование и на каком уровне излагать полученные результаты и выводы. Речь вовсе не идет о том, чтобы это исследование было «на все времена», безупречное и навсегда корректное. Так в науке бывает исключительно редко, и такие исследователи вписаны золотыми буквами в историю науки. Для научного исследования надо «только и всего», чтобы оно было на переднем фронте науки, и если оно противоречит существующим «общепринятым положениям» (такие тоже бывают крайне редко, их середнячки обычно выдают за «общепринятые»), то оно было **убедительно обосновано**, выходя за пределы «общепринятой», а на самом деле среднячковой парадигмы. ДНК-генеалогия обычно и есть то, что на переднем фронте науки, проблема часто в том, что при этом игнорируются данные, положения и выводы, которые не вписываются в «находки» ДНК-генеалогии, и поэтому **убедительное обоснование** отсутствует. Вот именно так строится «гибридная история». Там просто постулируются мостики и

срезание углов. Получается не наука, а беллетристика. Продвижения науки вперед нет.

Вернемся к статье в Вестнике за январь 2010 года, которую Вы упомянули. Была она в то время на переднем фронте науки? Безусловно. Она ничему не противоречила, а науку продвигала. Можно ли все ее выводы некритично принимать сейчас, и на них строить дальнейшее продвижение вперед? Нет, нельзя. Статья отвечала научным критериям того времени, но не сегодняшнего. Тогда, более шести лет назад, мы сравнивали строение гаплотипов, и на основании похожести делали выводы об их принадлежности к одинаковым или родственным группам человечества, например, киргизов и скандинавов. И никто нас не мог упрекнуть, потому что субклады тогда были почти неизвестны. Например, в 2010 году не был известен «скандинавский» субклад R1a-Z284, и, соответственно, не было известно, что в Киргизии, на Кавказе, в Азии его практически нет. Вот так выглядела схема субкладов гаплогруппы R1a в 2010 году (по классификации ISOGG):



Как видите, Z284 там вообще нет. Поэтому по критериям современным, спустя шесть лет, сравнивать просто строение гаплотипов недостаточно,

и я в своих книгах, статьях, комментариях об этом постоянно напоминаю.

Относительно Ваших соображений, когда и где обитали «исконные аланы», и как на них повлияли гуннские нашествия, у меня есть встречный вопрос – они сами Вам об этом сказали? Или Вы об этом где-то прочитали? Или Вы тому, о чем прочитали, действительно слепо верите? Но у меня, как профессионального исследователя, есть устойчивое неприятие того, что я где-то прочитал, в том числе в научных статьях и учебниках, пока я сам лично не проверю первоисточники, и они меня убедят. Потому что слишком часто то, что я читаю или слышу, в том числе и от «профессионалов» от гуманитарных наук, при прямой проверке рассыпается как карточный домик. Оказывается, что это всего лишь «мнения», основанные на зыбкой картине, в свою очередь «основанной» на отрывочных «данных», которые слишком часто данными не являются. Поэтому, приступая к исследованию, которые Вы обрисовали, ни в коем случае нельзя постулировать правильность чего бы то ни было, включая «детальные сведения» про алан, гуннов, асов, сармат, и любых других древних народов. Отделяйте факты от интерпретаций и обобщений.

Вы сами пишете, что Ваш анализ может быть ошибочным. Так оно и оказалось, Вам И.Л. Рожанский уже детально ответил. После этого советую Вам разобраться, на основании каких **фактов** Вы выдвинули положения Вашего анализа. Или там не факты были, а опять где-то прочитанные мнения? Надеюсь, что Вы рано или поздно придете к выводу, что **ваши** данные при анализе гаплотипов и субкладов являются **первичными** для анализа, а не прочитанные мнения. Естественно, это когда анализ данных ДНК-генеалогии проведен корректно. Гарантии этого нет, но стремиться надо.

Ростислав говорит:

[20.09.2016](#)

Конечно же, хотелось бы послушать лекцию о древних русах. Тем более, Лидия Грот пишет, что историю древних русов нужно исчислять с начала 3 тыс. до н.э., то есть еще со времен шнуговой керамики. Очень интересно. Хотелось бы послушать лекцию именно на эту тематику.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[22.09.2016](#)

>> Конечно же, хотелось бы послушать лекцию о древних русах.

Это есть в первой строке плана лекции 6.

И. Рожанский говорит:

[22.09.2016](#)

Предваряя неизбежный вопрос о гаплогруппе и, соответственно, происхождении Чингисхана, даю свой комментарий на форуме Родство.ру с некоторой переработкой.

На этой неделе по разным информационным порталам пронеслась сенсационная новость под заголовками типа «Появились данные о европейском происхождении Чингисхана». Зная манеру журналистов придумывать то, чего ученые не говорили, а то и вообще утверждать обратное, необходимо сразу дать ссылку на оригинальную работу, опубликованную 16 сентября этого года под заголовком [«Молекулярная генеалогия семьи монгольской королевы и ее возможное родство с Чингисханом»](#).

Уже из заголовка понятно, что ни о какой гаплогруппе Чингисхана в этом исследовании речь не идет. Желающие могут ознакомиться с текстом и резюме самостоятельно, статья в открытом доступе. Я же остановлюсь на источнике сенсации, а именно Y-ДНК троих мужчин, двое из которых, возрастом около 20-ти лет, были близкими родственниками и, согласно трактовке археологов, принадлежали к правящей элите Монгольской империи. По правилам, принятым в исследовании древней ДНК, анализ делали независимо в трех разных лабораториях. Вот итоговая таблица, в которой гипотетические принцы записаны под номерами MN0104 и MN0126, а человек под номером MN0376, более старшего возраста (40-50 лет), был определен археологами как простой воин. Иллюстрация кликабельна:

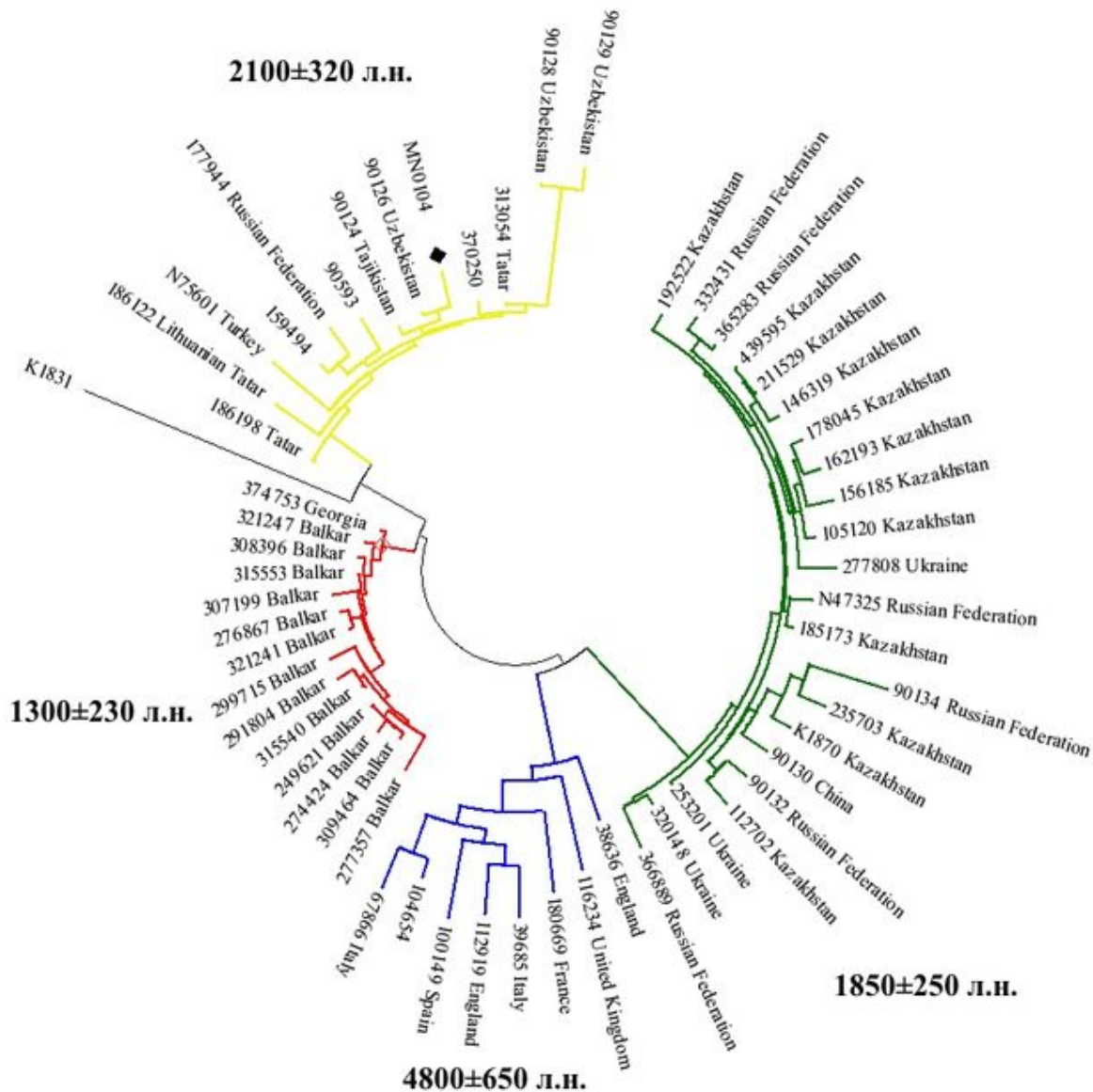
Sample	Hp	Y-STR Marker															
		DYS19	DYS385	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439	DYS448	DYS456	DYS458	DYS635	YGATAH4
MN0104	R1b	14	13/17	13	30	22	11	13	13	15	10	12	20	15	15	23	11
	R1b	14	13/17	13	30	22	11	13	13	15	10	12	20	15	15	23	11
	R1b	14	13/17	13	30	22	11	13	13	15	10	12	20	15	15	23	11
	Consensus	14	13/17	13	30	22	11	13	13	15	10	12	20	15	15	23	11
MN0126	R1b	14	13	-	-	-	11	-	13	-	-	12	-	-	15	23	11
	R1b	14	13	-	-	-	11	-	13	-	-	12	-	-	15	23	11
	R1b	14	13	-	-	-	11	-	13	-	-	12	-	-	15	23	11
	Consensus	14	13	-	-	-	11	-	13	-	-	12	-	-	15	23	11
MN0376	R1a1a	16	11/14	13	29	26	11	11	13	14	11	10	20	15	17	23	8/13
	R1a1a	16	11/14	13	29	26	11	11	13	14	11	10	20	15	17	23	13
	R1a1a	16	11/14	13	29	26	11	11	13	14	11	10	20	15	17	23	13
	Consensus	16	11/14	13	29	26	11	11	13	14	11	10	20	15	17	23	13

Consensus Y-STR profiles are indicated in bold characters. Minus (-) indicates failure of PCR amplification. Hp: haplogroup.

doi:10.1371/journal.pone.0161622.t003

Далее идут длинные и путаные рассуждения о совпадениях «Борджигина» под кодовым именем MN0104 с гаплотипами из YHRD, принадлежащими русскому, калмыку, узбеку и таджику, которые, судя по STR – «недотипированные» R1b-M73. На проекте [R1b Basal Subclades](#) у образца MN0106 оказалось немало родственников в категориях *_d*.

[Probable R1b-L389 > P297 > M73]. Should order R1b-M343 u Backbone SNP Pack or, preferably, BigY и _d. R1b-L389 > P297 > M73 Should order M478, L1432 or, preferably, BigY от Турции до Узбекистана. Вот как выглядит дерево 37-маркерных гаплотипов из этих категорий, куда также помещен образец ископаемой ДНК.



Монгольский принц как влитой сидит в ветви, которой присвоен желтый цвет, по аналогии с «Золотым кланом». Однако она явно старовата для потомков Чингисхана, хотя я не исключаю, что по мере пополнения там выявится «ближний круг» со своим снипом, наподобие Рюриковичей или коэнов.

Вот ее базовый гаплотип в формате Yfiler

13 22 14 11 13-18 x x 13 13 13 30 – 15 15 20 11 15 10 23

А это «Борджигин»

13 22 14 11 13-17 x x 12 13 13 30 – 15 15 20 11 15 10 23

Нетрудно видеть, что во всей «золотой» ветви нет даже намека на Европу, равно как и у населенной балкарцами «красной» и рассеянной в степной полосе от Монголии до Украины «зеленой» ветви. До Европы дошла только исключительно редкая «синяя» ветвь. Судя по датировке, дошла как минорная группа в компании с братьями-эрбинами из R1b-L51.

В целом же это чисто центрально-азиатская генеалогическая линия, занимающая этот регион с древнейших времен, также как живущие с ними вперемешку гаплогруппы Q и R2. На дереве YFull общий предок субклада M73 датируется 7300±1300 годами назад. Примерно то же самое получается при счете по базовым гаплотипам «золотой», «красной» и «зеленой» ветвей. Европейская «синяя» ветвь, по которой пока нет данных о глубоких снипах, сдвигает общего предка примерно к 10000 годам назад. Совершенно очевидно, что восторги журналистов и блоггеров явно преждевременны.

На фоне дешевой сенсации с Чингисханом-«западноевропейцем» мало кто обратил внимание на примечательный факт – авторы скрупулезно проработали все доступные полевые выборки монголов, но ни у кого, кроме одного калмыка, не нашли эту ветвь, которую ни с чем не перепутаешь из-за очень специфической комбинации маркеров. Подтверждаю их выводы. В имеющемся у меня списке из более чем 10000 гаплотипов из Восточной Азии обнаружилось всего два, что принадлежат «золотой» ветви R1b-M73. Несколько неожиданно, они оказались у тибетцев из юго-восточной части Тибета, носящий название Хами и граничащей с Индией, Бирмой и провинцией Сычуань.

Пока что первое место держат, кажется, узбеки, да и у тех гаплотипов всего горстка. Возникает вопрос – насколько успешными в плане демографии были чингизиды и их ближайшие родственники? Плодовитость ханов-многоженцев уравнивалась массовым истреблением настоящих чингизидов в бесконечных схватках за власть и не менее массовым появлением самопровозглашенных чингизидов с темным прошлым. Что в итоге перевесило – большой вопрос. Очень похоже, что растиражированные журналистами рассказы о многомиллионном потомстве Чингисхана – очередной миф. С другой стороны, мы не знаем, в какой степени родства состояли те молодые люди гаплогруппы R1b с Темучжином, сыном Есугея. Если родство было по женской линии, к чему склоняются историки из Монголии, то вопрос об основных мужских линиях у Борджигинов остается открытым.

Наконец, коротко о гаплотипе «простого солдата, не знающего слов любви» под номером MN0376, что остался в тени. Он был идентифицирован как R1a с типичным для нее 17-маркерным гаплотипом

13 26 16 11 11-14 x x 10 13 11 29 – 17 14 20 13 15 11 23

Как мы знаем из многочисленных находок ископаемой ДНК, субклад R1a-Z93 был одной из основных генеалогических линий Алтая и евразийских степей, начиная, как минимум, с ранней бронзы. Так что в этой находке также нет ничего удивительного. Работа сделана очень качественно по техническому исполнению, но не надо ждать слишком много от интерпретаций генетиков из Южной Кореи, основная специализация которых – судебная медицина. Там совсем другие подходы, да и с гаплогруппой R им вряд ли доводилось много работать.

Геннадий говорит:

[03.10.2016 в 22:29](#)

Небольшое уточнение. Хами – это округ в Синьцзян-Уйгурском автономном районе (граничит с Турфаном и Монголией), а упомянутая историческая область Тибета – это Кам или Кхам.

Валерий из города на Неве говорит:

[03.10.2016 в 23:29](#)

Уважаемый Игорь Львович, не могли бы прокомментировать информацию о последних данных по роду Ашина, если я правильно понял, то он принадлежит не к Q, как было общепринято, а к R1a, насколько значимо это событие?

И. Рожанский говорит:

[04.10.2016 в 04:12](#)

Встречный вопрос – насколько значимо то, что у английского короля Ричарда III определили гаплогруппу G2? Для узких специалистов в аристократических генеалогиях, наверное, это очень значимое событие, но в целом для истории той же самой Англии вряд ли это даст что-то принципиально новое.

Что касается рода Ашина, то я в курсе только о предварительной заметке, опубликованной Б.А. Муратовым с соавторами в бюллетене проекта «Суюн», [ссылка](#). По тем результатам пока больше вопросов, чем

ответов, потому что там опущена вся методическая часть, и из всего массива данных, с которыми работала группа китайских исследователей, опубликованы всего четыре 17-маркерных гаплотипа современных китайцев по фамилии Ши (史), которая, как считается, была принята потомками рода Ашина, осевшими в средневековом Китае. Вот эти гаплотипы

Образец HI24, провинция Хэнань
13 25 15 11 11 14 x x 11 13 11 31 – 15 14 20 12 17 11 23

Образец SHID04, провинция Шаньси
13 25 16 11 11 14 x x 10 13 11 31 – 16 14 20 13 15 11 23

Образец SHIe02, провинция Шэньси
13 25 15 11 11 15 x x 10 13 11 32 – 17 14 20 12 16 11 23

Образец SHID06, провинция Хэбэй
13 27 15 11 11 15 x x 10 14 11 31 – 15 14 20 12 14 11 23

Все они тестированы как Z94+, Z2123-, и это все, что их объединяет, помимо фамилии. Нетрудно видеть, что они не находятся в каком-либо более-менее близком родстве, и сходятся к времени жизни предка всего субклада Z94. Если Вы располагаете более полными данными, дайте, пожалуйста, ссылку на полноценную статью, если она уже вышла.

Пока же скороспелая заметка производит впечатление, что взяли какую-то группу однофамильцев, отобрали из них тех, у кого гаплогруппа R1a, и объявили их потомками клана Ашина без какой-либо дополнительной проверки. Нечто подобное можно сотворить с кем угодно, если принять во внимание что в списке самых распространенных китайских фамилий от 2007 года 史 находится на 82-м месте. Например, взять тесты у людей с фамилией Моисеев, отобрать среди них несколько человек с какой-нибудь экзотической гаплогруппой, а потом громогласно объявлять, что раскрыта загадка происхождения библейского Моисея. Пока не появится публикация, подготовленная по всем правилам академической науки, те 4 гаплотипа следует считать некоторой случайной выборкой, не более того. Замечу, что это все современные образцы, о древней ДНК пока никакой речи нет.

Валерий из города на Неве говорит:

[11.10.2016 в 09:50](#)

Игорь Львович, у меня был тот же самый источник, но так как мои познания несоизмеримы с вашими, то очень хотелось узнать именно ваше мнение. Теперь, благодаря вам, знаю, что никакой определённости в этом вопросе пока нет, будем ждать прояснения ситуации. Большое спасибо за ответ и потраченное на него драгоценное время, отвлекаю я вас лишь потому, что кроме вас с Анатолием Алексеевичем в этой новой области науки никому не доверяю. Но это одна причина, а вторая, не менее важная, читать вас обоих крайне интересно, гораздо интереснее чем разнообразные фолкхистори, где для автора важен не поиск истины как таковой, а навязывание своих стереотипов, как правило с примитивной, хотя нередко довольно изощрённой, подтасовкой фактов, или что ещё проще, где автор тупо желает навариться на недалёком читателе, зачастую обе цели преследуются одновременно.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[23.09.2016 в 11:08](#)

Игорь Львович сделал образцовый разбор статьи про «возможное родство с Чингиз-ханом». К сожалению, южно-корейские исследователи не ограничились профессиональным анализом ископаемых ДНК, и поддались соблазну «произвести сенсацию». Да, собственно, по нынешним временам типирование ДНК только до уровня R1b-M343 – это слабовато, мягко говоря, тем более называть это «западно-евразийской» гаплогруппой, что еще более слабо. Если бы авторы попытались пройти хотя бы на ступень глубже, то увидели бы, что это не R1b-M269, а вовсе параллельный ему M73, которого в Европе почти нет.

Так что имеем уже вторую статью про гаплотипы «Чингиз-хана» в англоязычной литературе, и обе оказались не про «Чингиз-хана», а про косвенные данные, хотя обе с претензиями на сенсацию. Первую, которой уже 16 лет, до сих пор с восторгом цитируют попугенетики и журналисты, хотя она производит впечатление некоего розыгрыша. Авторы объявили, что нашли гаплотип, которого по их оценкам в Азии должно быть 16 миллионов, и кто, кроме Чингиз-хана, мог бы быть его основателем, не так ли? Этот гаплотип они заявили как относящийся к гаплогруппе C(xC3c). Но фокус в том, что у заявленного гаплотипа DYS389-1 = 10, а такого из многих сотен гаплотипов в Проекте FTDNA гаплогруппы C нет ни одного, обычно там «13» или «14.»

И. Рожанский говорит:

[23.09.2016 в 12:28](#)

>> Но фокус в том, что у заявленного гаплотипа DYS389-1 = 10, а такого из многих сотен гаплотипов в Проекте FTDNA гаплогруппы C нет ни одного, обычно там «13» или «14.»

Это не ошибка, а один из вариантов нотации тех времен, когда она еще не устоялась. Лocus DYS389i имеет такую структуру повторов: (CTGT)₃ (CTAT)_n. Сейчас, равно как и в большей части ранних работ, фиксированный сегмент (CTGT)₃ включают в счет повторов, но до примерно 2006 года в некоторых лабораториях считали только переменную часть, то есть (CTAT)_n. Отсюда и разница в 3 аллели, которую, впрочем, довольно легко распознать, а затем сделать соответствующую поправку, [вот ссылка](#).

Конфуз со “старкластером”, как ветвь C2-F4002 и сейчас порой именуют, в другом. Его предок жил на 500 лет раньше Чингисхана, а при аккуратной оценке его численность сильно не дотягивает до заявленных 16 миллионов. В лучшем случае, миллионов 5 наберется. В-общем, ничем эта ветвь не выделяется на фоне аналогичных линий Центральной Азии. Вопреки распространенному мнению, популяционетики не только завышают датировки в разы, но и занижают тоже.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[23.09.2016 в 17:50](#)

Хорошо, спасибо, тогда с ошибкой в аллели в статье вопрос снимается. Впрочем, остальные остаются.

Ксения говорит:

[24.09.2016 в 05:04](#)

Тема: R1a-Z280 и фатьяновская культура

Анатолий Алексеевич, поясните, если можно, следующую цитату: “Кроме того, установлено, что у представителей фатьяновской культуры (эпоха бронзы) есть отдельные примеры по ископаемым ДНК с выявленным субкладом R1a-Z280” ([ссылка](#)). Про какие ископаемые субклады идет речь? В смысле – где найдены? Спасибо.

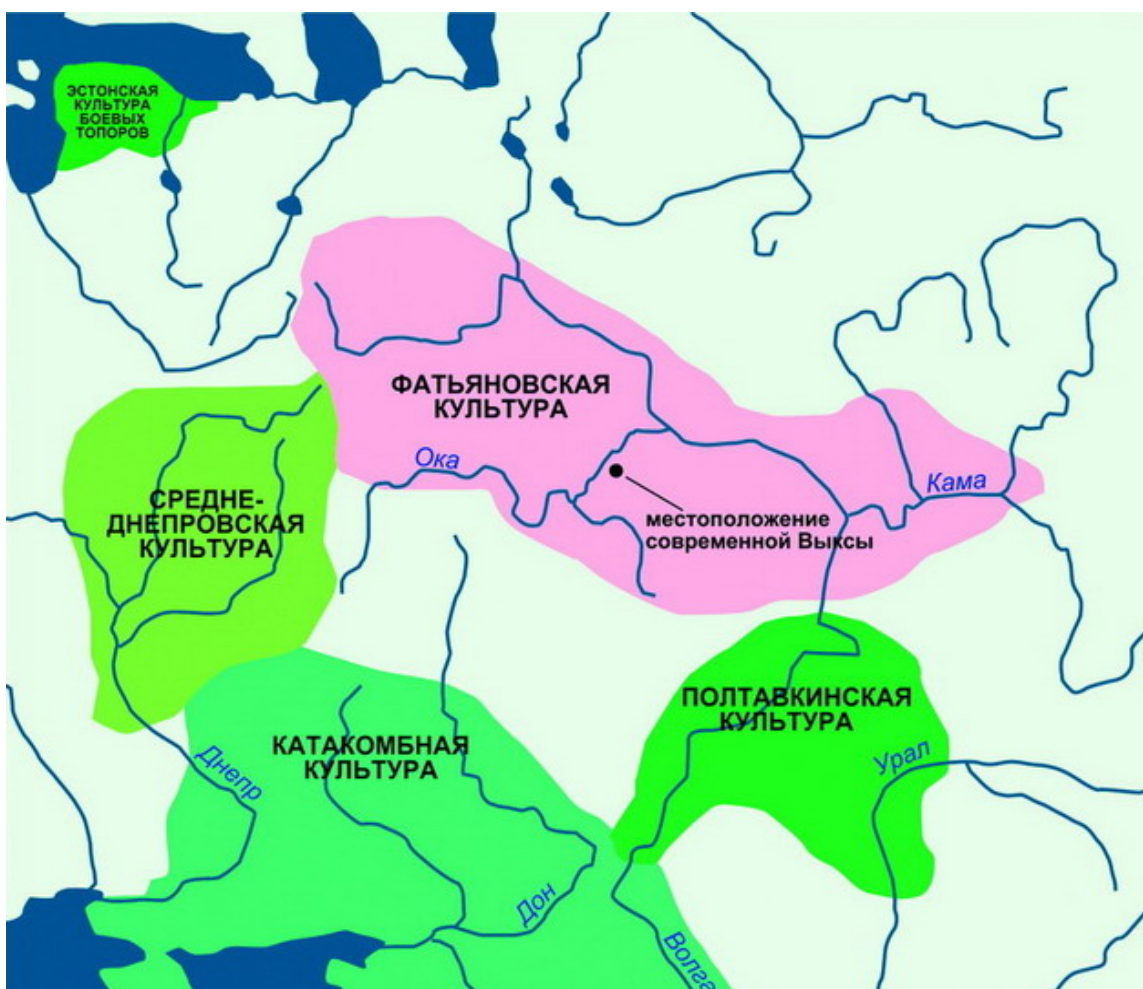
[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.09.2016 в 02:33](#) Ниже – источник этой цитаты ([Переформат, «Миграции ариев», часть 2](#)).

Фатьяновская археологическая культура (4300-3500 лет назад) средней полосы современной России

С течением времени культура шнуровой керамики (5200-4300 лет назад) продолжала смещаться на восток, и переходить в фатьяновскую культуру (4300-3500 лет назад, по другим данным 4800-3900 лет назад)

средней полосы России, на Верхней и Средней Волге, которая протягивалась с территорий современных Белоруссии и Литвы до современных Чувашии и Татарстана. К ископаемым гаплогруппам фатьяновцев – шнуровиков можно отнести R1a-M198/M17 в Смоленской области с датировкой 5120±120 лет назад, а также R1a из захоронений в Смоленской и Псковской области с датировками примерно 4500 лет назад (жижицкая культура). Как уже было отмечено выше, фатьяновцы укладывали своих покойников точно так же, как и носителей гаплогруппы R1a в культуре шнуровой керамики.



Виктор говорит:

[24.09.2016 в 20:03](#)

Тема: курс лекций по ДНК-генеалогии

Очень интересная идея о мини-курсе. Было бы здорово, если бы лекции читались, например, в субботу, чтобы люди, которые живут не очень близко от Москвы, могли бы приехать.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.09.2016 в 02:34](#)

Уважаемый Виктор, всем здорово никогда не будет. Девять лекций – это тогда девять суббот, более двух месяцев. Это уже не «мини-курс». Если кто-либо обеспечит видео-запись, тогда и в Москву не обязательно будет ехать. Я бы предпочел читать по три лекции в неделю, и то это займет три недели.

(ПРИМЕЧАНИЕ – видео-курс из 18 лекций был выставлен на Ю-Тюбе через три месяца после этого сообщения)

Александр из Петербурга говорит:

[25.09.2016 в 13:16](#)

Тема: калькулятор Килина-Клёсова

Анатолий Алексеевич, вопрос о калькуляторе ККК и интерпретации его расчетов. Если я из базы IRAKAZ отберу набор тестов с тем же снипом M198, центральноевропейский субклад, что и у меня, и оставлю только те из них, что суммарно имеют не более 1 мутации по всем 18 маркерам и потом посчитаю с помощью калькулятора время до общего предка – о чем скажет эта цифра? Или это фэйковая, ни о чем не говорящая цифра-фантом получится? В моем случае, для расчета по 18-ти маркерам – остальные отброшены – эта цифра равна 253 ± 108 лет. Это времена, когда Россия рубила в Европу окно и центрально-европейские субклады могли активно перемещаться между Западом и Востоком...

И ещё уточнение – нужно ли откидывать те маркеры у сравниваемых тестов, которые не вошли в набор 18-ти, и информации о которых, естественно, нет у меня, но есть у них? Учитывает ли их калькулятор ККК в расчетах? Например, для случая, когда мои 18 полностью совпали с их 18 маркерами – остальные мои неизвестны, а у них между собой они, естественно, не обязаны совпасть и могут дать какую-то дополнительную информацию? Ведь когда мутационная дистанция по 18-ти маркерам чистый 0, калькулятор не в силах по 0 что-то сказать. Т.е. по 18-ти полное совпадение, а вне 18-ти у этого набора совпадения не будет, а мои данные там отсутствуют.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.09.2016 в 02:44](#)

>> Если я из базы IRAKAZ отберу набор тестов с тем же снипом M198, центральноевропейский субклад, что и у меня, и оставлю только те из них, что суммарно имеют не более 1 мутации по всем 18 маркерам и потом посчитаю с помощью калькулятора время до общего предка – о чем скажет эта цифра? Или это фэйковая, ни о чем не говорящая цифра-фантом получится?

Именно так, ни о чем. В науке есть простое правило – не манипулировать с цифрами. Какие гаплотипы есть – такие и есть, какие мутации есть – такие и есть. Если Вы отбираете из массива гаплотипов только те, в которых есть определенное количество мутаций – Вы фактически подгоняете под заданную (Ваши же) датировку общего предка. Это примерно как взять мишень, и отобрать только те пробоины, которые сидят в десятке. Кстати, откуда Вы взяли то, что R1a-M198 – это «центральноевропейский субклад»?

>> В моем случае, для расчета по 18-ти маркерам – остальные отброшены – эта цифра равна 253±108лет. Это времена, когда Россия рубила в Европу окно...

Вот так и получается. Это такое же «окно», как и пробоины в десятке мишени, когда остальные замазаны. А у Вас, как видите, уже теория готова.

>> И ещё уточнение – нужно ли откидывать те маркеры у сравниваемых тестов, которые не вошли в набор 18-ти, и информации о которых, естественно, нет у меня, но есть у них?

Поскольку Вы анализируете только 18-маркерные гаплотипы, то все должны быть 18-маркерные. Это, конечно, если Вас интересует система только 18-маркерных гаплотипов. Поэтому надо четко поставить вопрос, что именно Вас интересует. Я, например, модифицировал 111-маркерный калькулятор под 18-маркерный, аккуратно удалив все остальные колонки, и использую его только для расчетов по 18-маркерным гаплотипам. Поэтому вопрос «удалять – не удалять» передо мной просто не стоит. Аналогично, у меня есть такие модифицированные калькуляторы для 23-маркерных гаплотипов, для 22-маркерных, и так далее. Можно так же модифицировать под любую (нестандартную) длину гаплотипа, если по ним часто идет счет.

>> Т.е. по 18-ти полное совпадение, а вне 18-ти у этого набора совпадения не будет, а мои данные там отсутствуют.

Обычная житейская ситуация. В мэрии банкет, а Вас там нет, физически отсутствуете. Там – полное совпадение по количеству выпитого, а у Вас – ни в одном глазу. Ну, и какой вывод? Вывод такой – если отсутствуете, то

такова жизнь. Просто по этому поводу не стоит ломать голову. Так и с гаплотипами. Есть, конечно, еще один выход. Нет, не в мэрию пройти. Просто заказать себе протяженный гаплотип. А можно и то, и другое.

Ксения говорит:

[25.09.2016 в 15:09](#)

Тема: работы лингвиста А.К. Шапошникова

Анатолий Алексеевич, если не трудно, дайте оценку работам лингвиста А.К. Шапошникова. В своих работах он ссылается на ДНК-генеалогию, гаплогруппы, привлекая их для обоснования своих построений. Мне его попытки привлечь ДНК-генеалогию напоминают таковые в работе Кузьменко по древним германцам. Шапошников консультировался с вами, прежде чем сослаться на вас? [Серия Шапошникова "Genealogiae" тут](#). Спасибо за предыдущий ответ.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.09.2016 в 02:32](#)

Нет, уважаемая Ксения, не имею чести его знать. Но если бы он консультировался, я бы выразил сомнение как минимум в отношении использования им оборота «время обособления праславянского диалекта от балтийской и скифской групп». На мой взгляд, это продолжение порочной концепции про некую древнюю «балтийскую» языковую группу, от которой почему-то отделились славянские языки (или «праславянские диалекты»). Поскольку современные балты-мужчины – это носители почти исключительно гаплогрупп R1a и N1c1, а гаплогруппа N1c1 пришла туда относительно недавно, то получается, что древние «балты» – это те самые R1a, говорившие на языках гаплогруппы R1a, по сути – арийских языках в их лексикостатистической динамике. Называть их можно хоть горшком, но это и есть праславянские языки. Как это могли праславянские от них «отделиться»? От самих себя?

Естественно, лингвисты вольны называть языки и диалекты как угодно, но получается, что их фантазийные названия не от свободы слова, а от некой беспомощности. Не могут они чувствовать исторические реалии, поэтому и называют языки не в ту степь. Жители средней полосы России у них оказываются «балтами», шнуровики – тоже «балты», фатьяновцы – тоже «балты». Как это соотносится с недавним летто-литовским языком, который исходно был назван «балтским»? Население на Днепре 5000 лет назад – «иранцы». Жители древнего Аркаима – тоже «иранцы». От этого недалеко, чтобы швейцар московской гостиницы считался говорящим

на швейцарских языках. Правда, приезжие швейцарцы его вряд ли поймут, у них языки не швейцарские.

Дальнейший беглый просмотр статей Шапошникова недоумение усиливает. Там и «арии-туранцы», там и «арии-сарматы», что вряд ли совместимо по их происхождению и истории миграций. Опять же, лингвисты вольны называть как хотят, но не оставляет ощущение, что они не понимают, какое историческое основание этих «слонопотамов». ДНК-генеалогию в его статьях я не видел. Что касается Кузьменко, у меня с ним была переписка и дискуссии. Он сожалел, что позаимствовал свои интерпретации у популяционные генетиков, и что связался со мной уже после выхода его книги по древним германцам. Книга, на мой взгляд, фундаментальная, но везде, где он касается гаплогрупп древних людей – там просто кошмар, другого слова не подобрать. Наша переписка и дискуссия опубликована в Вестнике Академии ДНК-генеалогии несколько лет назад.

Сергей говорит:

[26.09.2016 в 13:10](#)

Лекция на тему: Кому мешает ДНК-генеалогия – ложь, инсинуации, русофобия

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Я, пожалуй, определился с темой лекции, которую дополнительно хотел бы услышать. Мне часто присылают письма о том, что тот-то и тот-то плохо отзывается о ДНК-генеалогии и Вашей персоне, что людям надоело уже с ними дискутировать, а часто не хватает для этого знаний. Оно понятно почему, Ваши оппоненты профессиональные научные или околонучные деятели, а аудитория Ваша часто любители, потому что в новой научной отрасли быстро профессионалами не становятся, да и откуда им взяться, раз нет финансирования. Персоналии Ваших оппонентов известны – это 24 подписанта кляузы на ДНК-генеалогию. Только на днях мне прислали письмо с просьбой разобраться с одним журналистом, который продолжает агрессивно клеймить ДНК-генеалогию и Вас соответственно, распространяя лживые сплетни, а по сути, клевету, и зарабатывая на Вашей персоне себе рейтинг и всё больше набирая аудиторию, персону его известна – это один из подписантов той кляузы. Вот поэтому, помимо основных положений ДНК-генеалогии, я бы хотел увидеть в списке лекций тему о Ваших оппонентах по персоналиям, благо и материал имеется, его можно прочесть в Вашей книге «Кому мешает ДНК-генеалогия? Ложь, инсинуации и русофобия в современной российской науке».

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[27.09.2016 в 01:17](#)

>> *Ваши оппоненты профессиональные научные или околонучные деятели...*

Уважаемый «Сергец», это, конечно, не так. Точнее, это звучит более чем двусмысленно. Если, например, я полезу критиковать, или «оппонировать» в нейрофизиологию, или в физику кварков, то называть меня «профессиональным научным деятелем» будет неуместно. Это будет подменой понятий, чем и занимаются некоторые «оппоненты». Они – не профессионалы в ДНК-генеалогии. Поэтому никакой профессиональной критики от них нет, да и быть не может. Их «критика» – те самые инсинуации, передергивание, безграмотность, идеологические инвективы, что и описано в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия». Их цель – это махровый компромат, ничего научного там нет.

Вспомните примеры, которые во множестве приводились на «Переформате». Вспомните мой недавний разговор с Пежемским, средненьким антропологом, который (разговор) я подробно описал недавно на этом ресурсе. Человек выступил якобы как «оппонент», причем с трибуны РАН, и при первом же прямом вопросе ему выяснилось, что он ничего не понимает в ДНК-генеалогии. Более того, в ответ на предложение задать ему простенький вопрос по ДНК-генеалогии попросил этого не делать, потому что он в этом не разбирается. Вспомните мой подробный разбор совершенно беспомощной главы по «скоростям мутаций» в книге Балановского, в которой одна несуразица громоздилась на другие. Назвать его «профессионалом» невозможно совершенно. Тем не менее, после того он сдал свою книгу в печать, нимало не стесняясь того, что там полная безграмотность. Это что, стиль профессионала? Нет, ему не истина нужна, не корректность изложения, ему нужна книжка, вот и весь сказ. Вспомните совершенно беспомощные и ошибочные пассы Клейна, который, сам ничего не понимая в ДНК-генеалогии, доверился попгенетикам, написал ерунду, а потом на них же и свалил, что его «подвели». Список можно продолжать до размеров очередной книги, все эти боринские, балановские, касьяны, дробышевские, соколовы и прочие, ими же не наука движет, движет некая идеология, как правило, русофобская. Но это – один компонент, хотя для них важный. Другой – это страх, дискомфорт перед новыми концепциями в науке, к чему они органически невосприимчивы. Они понимают, что надо переучиваться, а они не могут и не хотят. Они нервничают, что их бьют на их же поле, точнее, на поле, которое они привыкли считать своим. Поэтому их колбасит.

Но как знает любой психолог, подобные «оппоненты» сбиваются в стаю, они нутром чувствуют «своих». Почитайте комментарии к любой

популярной статье по ДНК-генеалогии, там немедленно образуется стая, которая ненавидит славян, русских, Россию. Этот планктон – и есть идейные сторонники клейнов, балановских, боринских и прочих. Стиль тот же, только еще более безграмотный.

Но есть и другие «критики», которые «честно» заблуждаются. В их патриотизме сомневаться не приходится, они горячие сторонники России, русских, славян. Поэтому размазывать их по стенке у меня никакого желания нет, я бы хотел им помочь понять, разобраться, и потому мои выступления с разбором «критики» и «критиков» другой, русофобской направленности. Но не могу каждого из них водить за ручку, не справлюсь просто физически. Более того, они и книги, видимо, читают, но если так, то у них проблема с восприятием.

Вот – конкретный пример. Есть такая дама, по имени Ирина Цезарь. Это псевдоним (настоящая фамилия мне известна), как, видимо, и то, что она сообщает, что она «доктор философских наук» и «казачий полковник». Возможно, не знаю, да и не интересует. Она в январе этого года написала мне письмо, в котором представилась, и сообщила, что изучает мои работы, и через неделю напишет письмо с вопросами. Письмо не пришло. Ну ладно, я вздохнул с облегчением. С облегчением – потому что меня несколько насторожила ее работа *«Русско-Арийская Империя “Великая Татария” против Сионистов – Тамплиеров и Масонов»* (орфография сохранена), и вводное письмо к ней, адресованное лидеру одной из российских партий, с такими словами – *«Вы утверждаете, что татары абсолютно отличаются от русских по генетике. Это чудовищная ложь... Этим вы играете на руку Сионистам, которые хотят развалить Российскую Федерацию, и загнать русских в резервацию на дальнем севере»*. Связь я не понял, ну да ладно. Там у нее много чего другого – *«я сделала открытие: Шумеры / Сумеры – это Русо-Арийская Самарская культура с русских рек Ра (Волга)»*, и *«Русо-арии спустились на юг с русского Северного Полюса (портала)...»*, и *«русский город Самара древнее Самарской / Сумерской / Шумерской цивилизации в Ираке»*, и *«Мы, русо-арии были богами Шумера»*, и *«Русско-Арийский город Кемерово – важнейший центр допотопной Самарской / Кимерийской культуры»*, и так далее. В общем, знакомо, я с такими обычно предпочитаю дела не иметь. Предпочитаю факты, а не надрыв на пустом месте. Ее работа – это какофония из перепевов давно известного, типа пересказов Тилака, и безумных «открытий». Поэтому я тут же все это забыл. Таких много, не упомянуть.

И вот получаю сообщение от третьих лиц, что сия дама в марте этого года выступила с полуторачасовым докладом в «Экспериментальном Центре Этики и Эстетики Русского Мира» в Москве, с докладом «ДНК генеалогия в свете Русской идеи» (Критика ДНК Генеалогии Анатолия Клёсова). Видео тоже прислали. Я полюбопытствовал. До конца, правда, не досмотрел, надоело и неинтересно. Назвать это кошмаром и апофеозом безграмотности – это проявить гуманность. Оказывается, я

срубную археологическую культуру отношу к гаплогруппе R1b, а современных жителей Европы называю «тюрьками», и их современный язык называю «тюркским». И дама Цезарь восклицает – «вы только послушайте, что он говорит, все знают, что они говорят на индоевропейских языках, а он это считает тюркским! Это же ужасная ложь!» Далее, то, что я срубников, синташтинцев, андроновцев якобы отношу к гаплогруппе R1b (!), я разрушаю Россию, осуществляю некий дьявольский план по ее расчленению. И так далее, в таком же духе и стиле. И по ходу она показывает аудитории мои книги, крупным планом, возможно, и читала, хотя тогда с восприятием у нее действительно не все в порядке. Мораль дамы Цезарь – что ДНК-генеалогия это передовая наука, но надо ее обратить на пользу России, а не идти на поводу у тех, кто использует ее как инструмент для разрушения русского мира. Что, в рамках ее воспаленного воображения, делаю я.

Там же замечательные пассы, типа то, что «он говорит, что Y-хромосома не является материалом ДНК» (он – это, конечно, я), или что «мутации показывают, что народы имеют национальную идентичность», при этом слайд показывает лозунг «Да здравствует великий Туран», типа что вот, он какой, разрушитель России. Следующий слайд – «Клёсов оправдывает превращение Русско-Арийских Рун в «Тюркские руны» в культурном геноциде нашего народа».

Бред, паранойя? Не знаю, я не психиатр. О том, что я не имею понятия, что это за «Русско-Арийские руны», у меня не поинтересовались. Более того, таких вообще быть не может, русские и арии относятся к разным эпохам. Это типа «советско-киевская Русь». Там же, в докладе, масса всяких смешных мелочей, которые показывают, что дама «слышала звон», и этот звон переносит в свой доклад как «факты». Например, что я якобы утверждаю, что гаплогруппы R1a и R1b «разошлись в миграциях 26 тысяч лет назад». На самом деле по современным данным они тогда еще не образовались. Но дело даже не в том, что дама Цезарь этого не знает, но кто в здравом уме будет говорить с такой точностью – «миграции разошлись 26 тысяч лет назад»? Одно это показывает, что дама совершенно не владеет ни материалом, ни элементарным научным стилем его подачи. Это на уровне «крокодил летает, но очень низко». Перечислять ту ахинею, что И. Цезарь несет в своем докладе – это в цирк ходить не надо. Например, она сообщает, что ее поражает, что я приписываю «культуру гаплогруппы R1, наших предков», гаплогруппе R1b, нашим врагам. Представляете? Я лишаю русских людей культуры R1, наших предков! Отдаю ее на запад, недругам. Ну, не цирк?

Это же насколько можно не владеть материалом, не иметь понятия о базовых основах, и при этом выходить к людям с докладом. Вот что с

такими делать? Она – не враг России. Но она тот самый, что «опаснее врага». Она из тех, кто «люб расшибет», при минимальном обучении.

>> Только на днях мне прислали письмо с просьбой разобраться с одним журналистом, который продолжает агрессивно клеймить ДНК-генеалогию и Вас соответственно, распространяя лживые сплетни, а по сути, клевету, и зарабатывая на Вашей персоне себе рейтинг и всё больше набирая аудиторию...

Меня это совершенно не беспокоит. Если у него такая аудитория – пусть будет. У разных людей разное мировоззрение. Пусть та стая собирается на «Антропогенезе», они от науки далеко, мне лично они не мешают.

>> ...помимо основных положений ДНК-генеалогии, я бы хотел увидеть в списке лекций тему о Ваших оппонентах по персоналиям, благо и материал имеется, его можно прочесть в Вашей книге...

Это сделать можно, но я бы развернул Ваше предложение несколько в другую сторону. Можно сделать завершающую лекцию о типичных ошибках и заблуждениях «критиков» ДНК-генеалогии. Иначе говоря, зайти к обсуждениям основных положений ДНК-генеалогии с другой стороны, оттенив их «от противоположного». А персоналии «критиков» – кого они особенно интересуют? Книга написана, все поименно там приведены, с комментариями. Помните – «мы поименно вспомним всех, кто поднял руку!»?

Сергей говорит:

[27.09.2016 в 02:13](#)

>> Ваши оппоненты профессиональные научные или околонаучные деятели...

>> ...это, конечно, не так. Точнее, это звучит более чем двусмысленно.

Имеется ввиду, что если человек получает деньги за свою деятельность (в науке или околонауке), то он профессионал. А тот же Балановский и Соколов (в журналистике и лекциях) за свою деятельность деньги получают, значит, профессионалы, а какого уж пошива – вопрос иной, остальная надстройка этого понятия в данном контексте в расчет не бралась. А вот в следующей своей фразе я допустил неточность:

>> ...а аудитория Ваша часто любители...

Имелась ввиду, конечно, широкая аудитория. Как Вы не раз справедливо отмечали, любители в ДНК-генеалогии значительно грамотнее, например, того же профессионала в популяционной генетике Балановского, в тех частях где эти отрасли пересекаются, что недавно по сути признал Балановский в интервью. Прошу прощения у любителей! Кстати, он уже расчеты признал, любителей признал, осталось только извиниться и

полностью признать свою неправоту в отношении ДНК-генеалогии, но не случится, там личный интерес. Что касается аудитории того ресурса, раз уж Вы его упомянули, то автор письма мне как раз и пишет, что у него 18 тыс., мол, его нельзя игнорировать, на мою реплику, что за счет него же, в том числе, их аудитория и формируется, ответил: “Что поделаешь, люблю веселые рассказы про динозавриков”. Можно только посоветовать другие ресурсы на эту тему. Про даму с бурной фантазией про “Русско-Арийские руны” и прочей чушью позабавило. На самом деле такое не редкость, но в нашей группе “ДНК-генеалогия как историческая наука” мы такое вовремя пресекли с Вашей помощью и содействием со страниц Переформата и они, к счастью, либо потеряли интерес, либо притихли. Большое спасибо за ответ!

Сергей говорит:

[27.09.2016 в 02:27](#)

>> Книга написана, все поименно там приведены, с комментариями.

Что касается книги, [то если видели комментарии](#), люди хотят видео, я для проформы поспорил, но глас народа, думаю, стоит прислушаться.

Екатерина говорит:

[28.09.2016 в 01:53](#)

Тема: реликтовые субклады R1a

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Наша лаборатория не так давно открылась, но оценивая результаты, не найдены пока реликтовые субклады гаплогруппы R1a в северных, либо других районах Русской равнины? Интересно было бы узнать. Спасибо.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[03.10.2016 в 18:39](#)

Для ответа на вопрос сначала разберемся, что можно назвать реликтивными субкладами. Ниже – диаграмма древнейших субкладов гаплогруппы R1a, построенная по двум источникам – ISOGG и YFull. Эти источники не согласуются друг с другом по ряду показателей, война номенклатур продолжается. В диаграмме субклады с прочерками – это те, которых нет в списке ISOGG, но названия субкладов и индексы снипов в них – по ISOGG, так как YFull использует, как правило, другие индексы. Датировки образования снипов – по списку YFull. В общем, требуются определенные усилия, чтобы состыковать эти два списка.

••	R1a	M420	22800 лет назад
•••	R1a1	M459, SRY10831.2	18300 лет
••••	R1a1-	YP1272	14100 лет
•••••	R1a1-	YP1276	7300 лет
••••	R1a1-	YP4141	18300 лет
•••••	R1a1-	YP5018	12600 лет
•••••	R1a1-	YP5664	
•••••	R1a1-	YP4131	12600 лет
•••••	R1a1a	M512, M17, M198	14100 лет
•••••	R1a1a-	YP1051	8500 лет
•••••	R1a1a1	M417	8500 лет
•••••	R1a1a1a	L664	4700 лет
•••••	R1a1a1b	Z645	5500 лет

Эта диаграмма заканчивается снипом Z645 только потому, чтобы сделать привязку к снипам, которые мы здесь часто упоминаем. По моему частному определению, которое, наверное, разделяет Игорь Львович, реликтовые субклады и снипы заканчиваются на R1a1-M198 (M512, M17), с датировкой образования 14100 лет назад; несколько менее древний снип YP4131 слишком мало изучен, и его гаплотипы мне неизвестны. Иначе говоря, реликтовые субклады и снипы заканчиваются на желтой полосе на диаграмме ниже, хотя на первый взгляд это довольно условно. Но есть еще один критерий - до этой желтой полосы гаплотипы имеют характерную особенность, у них DYS392 = 13, после неё DYS392 = 11. Вот этот маркер в виде DYS392 = 13 можно принять за критерий «реликтовости». Что-то в древности произошло, и DYS392=12 не дал обильного выжившего потомства, или древняя мутация произошла скачком, сразу на две аллели, от 13 к 11. Аллель 12 в этом маркере наблюдается и у наших современников, но это обычная неупорядоченная мутация от обычного DYS392 = 11.

Теперь, когда определения и граничные условия выставлены, перейдем к заданному вопросу. Указанные реликтовые субклады и их гаплотипы крайне редки на Русской равнине. В базе данных IRAKAZ из 4783 гаплотипов группы R1a таких представлены всего несколько гаплотипов - по одному из России и Белоруссии (снип M459), и пять из Германии - четыре M420, и еще один неотнесенный, названный «Старым европейским», но с тем же DYS392 = 13. Поэтому шанс найти подобный гаплотип среди тех, что протестированы в московской Лаборатории, минимален. Пока там определены около сотни гаплотипов группы R1a, а

вероятность найти один «реликтовый» – примерно один на 700 гаплотипов. Придется подождать. И это будет не обязательно «северный», а вообще один, на всей территории России.

И. Рожанский говорит:

[03.10.2016 в 22:25](#)

Те, кого интересуют реликтовые ветви R1a, могут найти информацию об их представителях [на этой карте](#). Постарался выложить на ней максимум информации, что удалось найти в научных публикациях и в базах данных. Ссылки открываются при нажатии на метку.

В данной версии карты к реликтовым ветвям отнесены те, что располагаются над снипом M417. На сегодняшний день известно всего 3 такие ветви, одна из которых (YР4141) расходится на 2 далеко отстоящие подветви. Вот как они выстраиваются по лесенке субкладов:

M420	
M420>YР4141 –	Германия (?)
M420>YР4141> YР4131 –	Британские Острова (желтые метки с точкой)
M420>YР4141> YР5018 –	Ближний Восток (желтые метки)
M420>M459 –	Карелия, 6850-6000 до н.э.
M420>M459> YР1272	(красные метки)
M420>M459>M198	
M420>M459>M198> YР1051	(синие метки)

Для каждой из ветвей, выделенных жирным шрифтом, определены еще дочерние подветви по результатам BigY, но принципиально они общую схему не меняют. На Русской равнине пока находят только ветвь YР1272. Это участники проекта R1a из Белоруссии и Пензенской обл., а также безымянный житель Рязанской области из выборки Л. Рёвера 2008 года. К ним можно добавить кабардинца, троих поляков из Гданьска и двоих чехов. В полевых выборках ветвь YР1272 находят чрезвычайно редко, на уровне 1-2 гаплотипов на несколько тысяч. Так что натолкнуться с ходу на такую экзотику в самом начале работы Лаборатории – это редкое везение. Хотя все может быть. Нашли же такого уникама в Рязанской области при первом же более-менее серьезном исследовании в России.

Екатерина говорит:

[05.10.2016 в 00:59](#)

Спасибо большое, это именно то, что надо. Очень помогли.

Геннадий говорит:

[05.10.2016 в 22:42](#)

Хоть это и прямая линия с Анатолием Алексеевичем Клёсовым, задам вопрос Игорю Львовичу Рожанскому про кошек и собак. Как Вы считаете, новые статьи про происхождение кошек ([ссылка](#)) и, особенно, собак ([ссылка](#)), подтвердили Ваши выводы, опубликованные здесь в статье [Братья Гримм и ДНК-генеалогия \(История 2: Бременские музыканты\)](#)?

И. Рожанский говорит:

[06.10.2016 в 13:00](#)

Про кошек пока ничего сказать не могу, потому что в Nature опубликована только заметка штатного сотрудника редакции Ewen Callaway о докладе, прозвучавшем на конференции 16 сентября этого года. Оригинальная публикация пока недоступна, а этого журналиста я уже ловил на тенденциозной подаче материала по зубам древних людей из Китая. Будем ждать, когда выйдет полноценная статья, которой, надеюсь, должны появиться долгожданные данные по Y-ДНК кошек.

Статья в Science о собаках – это продолжение старой саги о том, где их одомашнили, в Европе или Восточной Азии. Принципиально новой информации она не содержит, потому что там идет пересчет уже имеющихся данных по мито-ДНК несколькими другими методами. Ископаемой ДНК из Восточной Азии пока нет, а без нее продвижения вперед ожидать не следует. Впрочем, сторонники европейской родины домашних собак уже подготовили “запасной аэродром”, судя по этой ключевой фразе: “this early indigenous dog population in Europe was replaced (at least partially) by the arrival of East Eurasian dogs.” (Эта ранняя аборигенная популяция собак в Европе была замещена (по крайней мере частично) при появлении собак из Восточной Евразии).

Это почти слово в слово повторяет вопрос-предложение из опубликованной за полтора месяца до того заметки о бременских музыкантах: “Не случилось ли с древними породами на западе Евразии то же, что повторилось уже в Новое Время с черными европейскими крысами, почти полностью вытесненными более сильными и сообразительными серыми собратями-пасюками – выходцами из Китая?” Понятно, что едва ли кто-то из интернационального коллектива авторов слышал о существовании портала “Переформат”, чтобы подозревать их в краже идей. К этому выводу естественным образом приводит непредвзятый анализ существующих данных, что мы и наблюдаем. Значит, в популяционной генетике животных ситуация более здоровая, чем в популяционной генетике людей, раз там на

равных обсуждаются разные версии, и на их основе вырабатываются новые концепции, как и должно быть в науке. Почувствуйте разницу.

Повторю еще раз, что вопрос с собаками остается нерешенным, пока не появятся данные по ископаемой ДНК из Восточной Азии, а также более репрезентативные выборки Y-ДНК, в том числе и ископаемой.

Геннадий говорит:

[15.10.2016 в 00:01](#)

То есть у собаки из Ньюгренджа не была определена Y-ДНК?

И. Рожанский говорит:

[17.10.2016 в 05:03](#)

Определена, но только качественно. В смысле, что она есть. В сопроводительном материале сообщается, что в референсной сборке генома собаки пока отсутствует выравнивание для Y-хромосомы, а потому для определения пола этой особи пришлось прибегнуть к косвенным методам – через выравнивание по X-хромосоме и сравнению с геномом волка-самца из базы данных. Оказалось, что это, видимо, был кобель, и пока на этом остановились. Анализ делали по полным геномам современных собак и секвенсированной в этой работе собаки из Ирландии, к которому добавили пересчет уже известных данных по мито-ДНК.

Ксения говорит:

[06.10.2016 в 04:23](#)

Можно ли какие-то выводы сделать для исторических построений по географии реликтов или таковые просто “шум”?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[06.10.2016 в 06:32](#)

Кто-то захочет сделать выводы для исторических реконструкций, но цена им будет крайне мала, если не отрицательна, поскольку проверить все равно невозможно, как невозможно ни опровергнуть, ни подтвердить. А это критерии исключения таких построений из науки. В принципе, самая большая группа «реликтов» гаплогруппы R1a, пара десятков, найдены на Британских островах. Но это скорее всего потому, что там протестировано самое большое число людей – буквально на порядки больше, чем, например, в России. Но единственный

ископаемый «реликт» этой гаплогруппы найден в России, с датировкой более 7000 лет назад. Ну и что из этого следует?

Поэтому, на мой взгляд, эти данные надо просто принять во внимание. Уже хорошо, что они есть. Лет восемь назад на форуме «Родство» у меня было столкновение с попгенетиком, который кичился тем, что он «профессионал» и притом «лучший в России». Так вот, когда я выловил из серии опубликованных балканских гаплотипов гаплогруппы R1a пару-тройку тех, у которых были $DYS392 = 13$, и предположил, что это потомки древнейших предков R1a в Европе, то он устроил крик на лужайке, заверяя, что это ошибка, и таких быть не может, и что «предиктор» таким в гаплогруппе R1a дает нулевую вероятность. Меня тогда больше всего поразил его аргумент про предиктор. Это насколько нужно быть далеким от науки, чтобы всё мотивировать по давно разработанному «предиктору». Иначе говоря, открытия при этом исключаются полностью, и не только открытия, а вообще новизна. Он стал доказывать, что это ошибка типирования, что «девочки молодые и неопытные», те, кто определяют гаплотипы. Пришлось его осадить, он со скандалом ушел и больше не появлялся.

Потом мы с И.Л. Рожанским опубликовали статью в Вестнике (2009 год), в котором целый раздел был посвящен этим гаплотипам, и постепенно они были признаны. Правда, попгенетики продолжают с ними путаться. Год назад Underhill с большой группой попгенетиков опубликовал статью, в которой несколько таких гаплотипов были найдены в Иране, и авторы объявили, что гаплотипы такой древности показывают, что гаплогруппа R1a возникла в Иране, и что больше нигде таких гаплотипов нет. То, что мы задолго до того опубликовали несколько десятков таких гаплотипов, найденных в Европе, Underhill (как и Балановский, который был в соавторах) не знали.

Сергей говорит:

[04.10.2016 в 21:25](#)

Тема: ДНК-генеалогия китайцев

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Не прокомментируете ли следующую информацию для наших подписчиков и читателей Переформата? [Китайцы могут иметь «божественное» происхождение.](#)

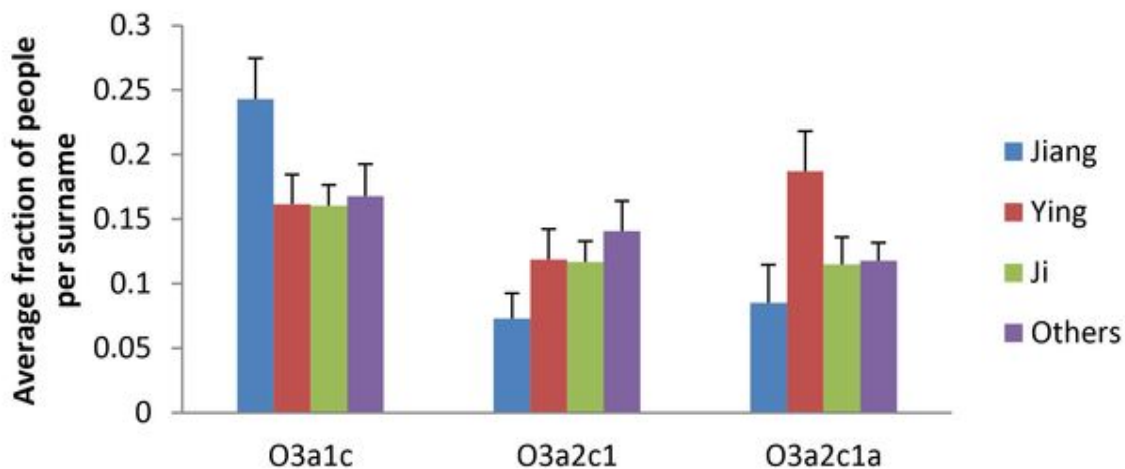
[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

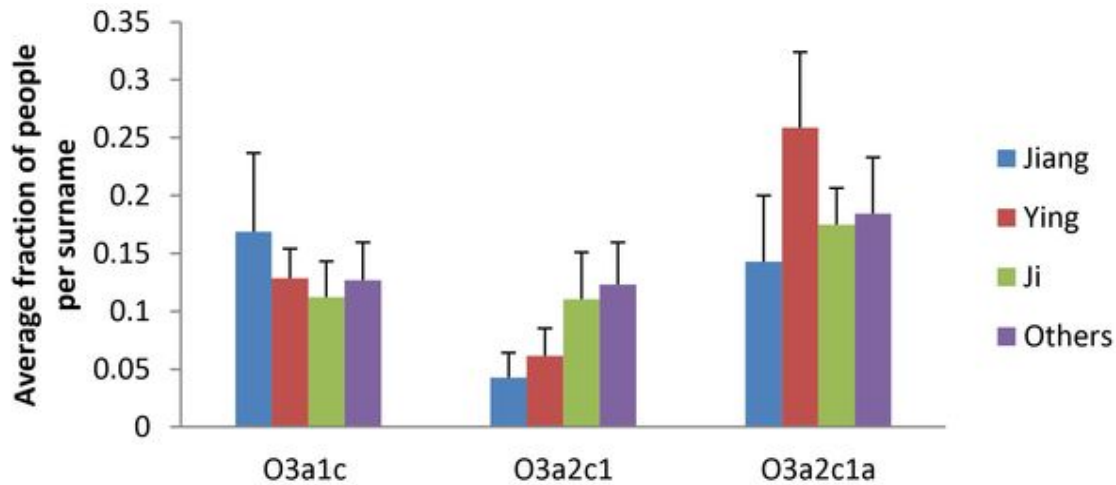
[06.10.2016 в 07:32](#)

Я не перестаю предупреждать, что, читая популярные пересказы научных статей в российской прессе, надо исходить из того, что там все

перепутано или искаженно превращено в некую сенсацию. Читать-то не возбраняется, но при этом должен быть иммунитет к некритичному восприятию. А еще лучше – смотреть первоисточник.

В самой статье китайских авторов, которая вышла неделю назад, нет ничего «божественного». Понятно, что в Китае императоры были божественными, но в научных статьях такого обычно не бывает. Название статьи – «Han Chinese males with surnames related to the legendary Huang and Yan Emperors are enriched for the top two Neolithic super-grandfather Y chromosomes O3a2c1a and O3a1c, respectively». Главный вывод статьи – что несколько основателей имен в Китае каменного века, которые согласно легендам произошли от двух императоров с именами Yan и Huang, имели субклады гаплогруппы O – O3a1c, O3a2c1 и O3a2c1a, и что современные китайские фамилии распределяются по этим субкладам. Более того, авторы пишут, что каждый из этих субкладов «обогащен» той или иной фамилией. Авторы заключают, что полученные результаты замечательно согласуются с древними манускриптами императоров Yan и Huang. Статью читать, наверное, удовольствие для знатоков китайских имен и китайской истории, поэтому не будем в это углубляться. Тем более что китайские авторы статьи несколько преувеличивают «согласования» и «обогащения», которые они декларируют. Вот ключевые диаграммы из статьи. Первая – для 1564 тестированных на три указанных выше субклада, вторая – для дополнительных 851 тестированных.





При желании можно, наверное, увидеть «обогащение», то есть некую корреляцию имен с субкладами, но это, согласитесь, спорно, тем более обращая внимание на погрешности расчетов, показанные вертикальными рисками.

Ну, и вроде как мелочь – китайские авторы используют устаревшую номенклатуру, субклады уровня O3 отменены еще два года назад, и переведены в разряд O2. Так что если кто хочет найти эти O3 в классификации ISOGG, будут трудности.

И. Рожанский говорит:

[06.10.2016 в 09:01](#)

Не далее, как позавчера я давал комментарий по поводу журналистских восторгов на Родстве.ру. Дублирую его без изменений для тех, у кого есть проблемы с доступом к форуму.

С попгенами не соскучишься –

«То тарелками пугают, дескать, подлые, летают,
То у вас собаки лают, то у вас руины говорят.» ©

Все рассуждения авторов о происхождении от легендарных предков, впоследствии обожествленных (а не богов, как заявили журналисты) отталкиваются от преизрядно заниженных датировок тех самых трех супер-ветвей. Вот как это выглядит в реальности на примере выборки 24-маркерных гаплотипов O2 (O3 до 2015 г.) из провинции Хэнань

Перечеркнуты данные из статьи, где использовали нотацию ISOGG-2014. [Вот ссылка](#) Han Chinese males with surnames related to the legendary Huang and Yan Emperors are enriched for the top two Neolithic super-grandfather Y chromosomes O3a2c1a and O3a1c. Когда начинаешь смотреть, что это за фамилии, связанные с древними императорами, то оказывается, что они относятся к очень редким, и довольно хаотично разбросаны по всем гаплогруппам и субкладам. В общем, имеем пшик.

Самое пикантное в этой ситуации то, что обе «божественные» линии O-M117 и O-F444 мало того, что в два раза старше заявленного в статье «возраста», так они и еще и составляют значительную долю у тайцев, филиппинцев, вьетнамцев и у национальных меньшинств на юге Китая. Их даже в Казахстане и Непале нашли, о чем был разговор в теме о генах Шакьямуни. Стало быть, к становлению древнекитайской цивилизации в долине Хуанхэ они имеют весьма опосредованное отношение. А вот к культивации риса, одомашниванию собак, кур и, возможно, свиней – самое прямое. Вот только по-китайски они заговорили довольно поздно. Некоторые – уже в наши дни.

Сергей говорит:

[07.10.2016 в 02:21](#)

Доступно, Игорь Львович, спасибо!

Геннадий говорит:

[09.10.2016 в 13:43](#)

Игорь Львович, теперь вот ещё в Гималаях древнюю O2-M117 нашли, [ссылка](#), у образца C1 из Chokhopani (3,150-2,400 YBP) и у образцов S10 и S35 из Samdzong (1,750-1,250 YBP).

И. Рожанский говорит:

[10.10.2016 в 10:11](#)

Спасибо за ссылку! Ископаемая ДНК из Азии как-то выпадает из поля зрения интересующихся этим предметом (например, Jean Manco с ее порталом Ancestral Journey), и о новых работах мы узнаем с запозданием. А там ситуация не менее интересная, чем в Европе и Передней Азии. Субклад O-M117, найденный у гималайцев эпохи бронзы, включает в себя супер-ветвь, которую в YFull маркирует сноп M1706, что идет поперек всех народов Восточной Азии, доходя «на излете» даже до Русской равнины. Ее довольно легко распознать по редкому для гаплогруппы O сочетанию маркеров DYS388=10, DYS438=11. Вот

соответствующий фрагмент дерева YFull, где вместо снипа M117 используют эквивалентный ему Page23



Согласно этой схеме, родительскую ветвь O-Page23 «старит» единственный гаплотип ханьца из Пекина с id NA18548. Все остальные, включая участников гаплогруппного проекта FTDNA и списка из базы данных YHRD, относятся к ветви M1706, от которой веером расходятся многочисленные дочерние подветви. В YFull для нее указан «возраст» 6900 ± 300 лет, в гаплогруппном проекте получается 5900 ± 720 лет при счете по десяти 67-маркерным гаплотипам, в YHRD – 5300 ± 550 лет для 142-х 23-маркерных гаплотипов, собранных у народности дай из провинции Юньнань, филиппинцев, ханьцев, японцев и вьетнамцев. В процитированной Вами статье есть [ссылка на работу 2013 года](#), в которой исследовали большую (2354 г/т) выборку тибетцев. У них почти каждый третий принадлежит к линии субклада M117, для которой по Животовскому получили 11500 ± 4800 лет до общего предка. О завышении датировок при этом методе знают сейчас все, включая его автора, а потому мы, очевидно, имеем дело с той же самой ветвью M1706 с интернациональным составом.

Пока не очень понятна причина расхождения датировок, рассчитанных по снипам и по 67-маркерным гаплотипам. Их коридоры погрешности не перекрываются. В любом варианте, о скорости роста этой ветви можно судить по тому, что в течение первых 2500-3500 лет ее носители уже заселили труднодоступные долины близ Аннапурны, а перед этим, очевидно, Тибетское плато. Можно реабилитировать китайских популяционных генетиков в плане расчета «возраста», но попытки привязать ветвь O-M1706 к распределению китайских фамилий по-прежнему смотрятся маловразумительными.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[07.10.2016 в 09:28](#)

Как обычно, наши с Игорем Львовичем выводы стыкуются. Понятно, что у каждого свой стиль, и своя манера подачи материала, но это хорошо. Добавлю только, что по данным YFull датировки образования упомянутых снипов примерно равны 16700, 16900 и 18100 лет назад. Здесь даже нет нужды уточнять, каких конкретно снипов, потому что с пределах погрешностей расчетов все датировки пересекаются.

На первый взгляд может показаться, что мы с ним слишком суровы по отношению к попгенетикам, но наша суровость – это не голословные обвинения, что **всегда** свойственно самим попгенетикам, а выверенные, обоснованные данные и выводы. Мы дотошно и скрупулезно показываем, как не надо работать, как не надо просто вбрасывать якобы данные, и что над данными необходимо тщательно работать. К сожалению, какую статью попгенетиков ни возьмешь, там клубок неряшливости, недоразумений, топорной работы. Как я уже неоднократно говорил, молодежь у попгенетиков жалко, интеллектуально гробят себя у всяких Балановских, никакой научной школы, никакого обучения скрупулезной научной работе. Никакого обоснования своих нападок, которым их учат «старшие товарищи»-попгенетики.

И это свойственно не только попгенетикам, некоторые антропологи им не уступают. Зато вместо науки они занимаются охотой на ведьм, как им представляется. В июне этого года Соколов и Дробышевский организовали конференцию «Ученые против мифов», и в октябре, несколько дней назад, состоялась ее вторая часть. Самое забавное – что они себя называют «учеными». Цитирования в научной печати нет ни у того, ни у другого, Соколов вообще журналист, ученой степени нет, Дробышевский не раз объявлял, что ученым себя не считает, что он преподаватель. Там же и Боринская, которую не так давно поднял на смех антрополог из Стенфордского университета (США), что она живописала (под редакцией того же Соколова), 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»*. Стенфордский антрополог ей ответил – *«Уверяю Вас, что у популяционной генетики нет методов, позволяющих определить, что люди пересекают проливы и используют богатые пищевые ресурсы»*. А зачем живописует? Потому что нет ни знаний, ни квалификации, их заменяют фантазии. И вот она, представляете, одна из организаторов и докладчиков на упомянутой конференции. Она, чьи псевдонаучные фантазии как раз и могут квалифицироваться как «мифы» и «лженаука», пользуясь ее же словарем.

Но больше всего Боринскую коробит слово «патриотизм», она на каждой конференции его с ненавистью повторяет. Вот такой, так сказать, контингент. Вы думаете, они там ополчились на норманнизм? Нет, конечно, это свое, родное. На растущие как грибы негативные мифы о Великой Отечественной войне? Нет, разумеется. На мифы о древних «украи», о бандеровцах как героях Украины? Нет, конечно, Боринская о тех мифах ни слова. Ее от русского патриотизма колбасит. В итоге их конференция закончилась позорным действием. Они придумали

провести дурашливое присуждение «Почетный Академик ВРАЛ» «за достижения в области лженауки». И знаете, кого они назначили для получения дурашливых дипломов? М.Н. Задорнова, члена Союза писателей России. С какого, так сказать, бодуна его назначили «лжеученым»? К науке он вообще отношения не имеет. Ни научных публикаций, ни ученой степени у него нет. Он – писатель, сатирик, кинорежиссер. Но с точки зрения русофобов – его надо высмеять, потому что он патриот России. А им это – как серпом по сердцу. Помимо него – некую Ермакову (не знаю, не слышал), которая борется с генномодифицированными продуктами, и академика РАН Фоменко. Боринской и Балановским, как ни странно, не вручили. Это – свои.

А саму конференцию неплохо бы разобрать. В принципе, некоторые доклады там были познавательны, но их отличает одно общее свойство – они не творческие, в них нет научной искры. Они – шаблонные, а значит – к науке отношения не имеют. Они все были построены по типу – «шаг в сторону – побег». Послушать их – так всё в науке уже давно известно, описано, ничего нового быть не может. А если будет – так это «фрики». Страшно далеки они от науки.

Сергей говорит:

[08.10.2016 в 14:51](#)

К сожалению, назначили еще и путём голосования, но сути это не меняет, они сами формируют среду, кандидатуры, формируют общественное мнение или идут у него на поводу, занимаясь популизмом на благодатной почве. Спрашивается, зачем им это надо, Михаил Николаевич никогда не заявлял, что он учёный?! Да, от понятия патриотизм их колбасит, патриотов много, но почему выбран именно МНЗ? Ответ на поверхности, он популярен, а этим “нанайским мальчикам”, считающим себя учёными, для чего-то нужен пиар.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.10.2016 в 00:23](#)

>> Спрашивается, зачем им это надо, Михаил Николаевич никогда не заявлял, что он учёный?! Да, от понятия патриотизм их колбасит, патриотов много, но почему выбран именно МНЗ?

Ответ на этот вопрос дал еще баснописец Крылов 200 лет назад, в басне про слона и моську. Это моськино твякание со стороны Соколова, Дробышеского и Боринской придает в их глазах им самим значимость. Но это только часть объяснения, хотя и важная. Другая – их русофобская идеология. Их бесит, что Задорнов проводит большую работу по патриотическому воспитанию, особенно молодежи. Он – не «их

человек», поэтому при их комплексе неполноценности им страстно хочется над ним поглумиться. У них – психология стаи. То, что все трое – пустышки в науке, только усиливает их стервозность. Это – известный феномен, что чем более ничтожны люди, тем более они мстительны, причем немотивировано, просто во имя их мелочности. Типичное лагерное поведение.

М.Н. Задорнову нравится играть со словами, и он увлекает этим занятием других. Как-то я спросил его – вы же понимаете, что это не наука? – Конечно, ответил он, но это же интересно, я получаю много писем, люди предлагают варианты созвучий. Игра такая, но порой в этом что-то есть. И надо быть моральным уродом, чтобы это воспринимать как «лженауку», и глумиться с публичным присуждением «премий».

«Лженауки» нет вообще. Наука либо есть, либо ее нет. Наука – это деятельность, направленная на формулирование законов природы и общества (на Западе – только законов природы, остальное – не наука, а «гуманитарность») и связанная с этим авторская система оформления получаемых результатов и выводов в виде научных публикаций. Нет научных публикаций – нет науки. Система научных публикаций – широкое понятие, которое меняется в ходе развития науки. Это и статьи, и книги, и доклады на научных конференциях, и сетевые публикации, включая журналы открытого доступа. Сама система производит отбор, что есть научные данные, результаты, и выводы, а что отбор не проходит. Один из основных критериев – цитируемость в других научных публикациях, что по сути показывает степень вхождения результатов научной деятельности в научные информационные потоки. Нет цитируемости – значит, нет вхождения, значит, не проходит научных критериев, во всяком случае пока, на современном уровне развития науки. Сам факт, что кто-то забегает вперед и объявляет что-то «лженаучным», выводит забегающего из науки. По сути, этот «кто-то» – враг науки, а уж когда этот «кто-то» только имитирует научную деятельность, но сам не имеет заметной научной цитируемости, то таких надо брать за ухо и принародно показывать.

Так вот, «лженауки» нет по той же причине, по какой нет осетрины второй свежести. «Лженаука» – это окрик ничтожества, который сам в науке не принимает фактического участия. Есть некомпетентность, есть имитация деятельности при отсутствии научной новизны, есть производство продукции, которая научной не является (например, беллетристика, компиляции, популяризация без привнесения научной новизны, преподавание), но которая может быть полезной, просветительской, производительной. Все эти формы деятельности не есть «лженаука», ее авторы либо не претендуют на «науку», либо, если претендуют, не проходят сито отбора научной системой, или если

прошли, то не цитируются в научной печати. Есть и такие, которые не цитируются потому, что идеи слишком новы и оригинальны, и не воспринимаются «научным контингентом», но будущее обычно показывает, есть ли там научная ценность. Как видно, вопрос «научной значимости» сложен и неоднозначен, и меньше всего нуждается в крикунах, на которых шапка горит, как Соколов, Боринская, Дробышевский. Если они популяризаторы и преподаватели, то семь футов им под хвостом, только без провозглашения себя арбитрами в том, в чем они не проходят по квалификации.

Так что то, что им нужен пиар – возможно, но, полагаю, не это главное. Главное – у них свербит назначить себя арбитрами и компенсировать тем своё ничтожество в науке, да и в жизни. Есть, надо отметить, редкие случаи, когда имитация научной деятельности сопряжена с коррупцией, при этом всегда с финансовой выгодой для себя. Например, через коррупционную систему получение крупных правительственных грантов (часто с «откатами»), крупного финансирования, причем научных или промышленных результатов такой деятельности нет. Вот там надо власть употребить. Но и там нет «лженауки», есть мошенничество, порой в крупных размерах. Так и надо называть. А если кто-то у себя на кухне потихоньку клепают вечный двигатель, за свой счет, или выводит гомулункуса в чайнике, то кому они мешают, кроме, пожалуй, своих домашних? А если при этом нарушают закон, то так и надо это квалифицировать. А не назначать себя судьями и кричать «лженаука», причем перевирая и передергивая то, что они не понимают и в чем не разбираются.

Валерий из города на Неве говорит:

[12.10.2016 в 07:04](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, безусловно, “учёные” как Соколов, Боринская, Дробышевский, Марков и им подобные у знающих людей кроме смеха и презрения ничего не вызывают, но, к сожалению, именно они формируют мировоззрение незнающих, а таковых в обществе подавляющее большинство, они не слезят с экранов телевизоров, где их представляют как авторитетнейших экспертов, их обильно печатают в самых популярных СМИ, они имеют хорошо раскрученные интернет сайты, раскрученные явно не на свои кровно заработанные. Нынешняя молодёжь, за редким исключением, мыслит их штампами. Однозначно выше названные мною господа имеют мощную поддержку неких сил, я не сторонник конспирологии, но другого объяснения у меня этому просто нет. Как хорошо, что у нас есть вы с Игорем Львовичем, потому что тот, кто стремится к истине, всё равно придёт к вам.

Сергей В. Ч. говорит:

[19.10.2016 в 13:57](#)

Как сторонний наблюдатель вынужден сказать, что в околонучных СМИ хватают людей, провозглашающих себя знающими, которые активно поливают своих оппонентов (или их идеи) разного рода негативом. Войны ведутся между, например, сторонниками и противниками Эйнштейна. По поводу Дарвина воюют эволюционисты и креационисты. Как-то раз доводилось видеть союз священников РПЦ и академиков РАН, совместно громящих астрологию. Нахватавшись всего такого в СМИ, сторонний наблюдатель на пути познания может только ужаснуться. Потому что единственный способ что-либо достоверно познать – это самому стать учёным. И пройти весь путь познания человечества. Чтобы проверить и убедиться. На это не хватило бы и жизни, если бы хотя бы хватало ресурсов. Если бы каждый человек лично познавал всё, уровень научного и технического прогресса в лучшем случае бы полз вверх со скоростью черепахи. Человечество разделило свои трудовые функции. Единицы познают – остальные распространяют и применяют знания. Пока новые единицы (занятые в науке) не совершат рывок/переворот в науке. Соответственно, неучёным людям, пользующимся плодами чужих научных открытий, по этическим понятиям принято уважать учёных людей (и их научные идеи, и распространителей идей). Что я и стараюсь делать. Пока не увижу данные, дискредитирующие определённых людей. Как это случилось с подложной резолюцией и письмом 24-х.

Если бы не категорическое негативное упоминание Маркова, прошёл бы мимо. Как я понимаю, речь идёт об Александре Маркове? Авторе книг “Рождение сложности” и “Эволюция человека”? Я не знаю, но не отказался бы узнать, что вызывает “смех и презрение” у “знающих людей” в деятельности данного человека? Мне он известен как популяризатор биологии и осветитель открытий на переднем фронте сей науки. У него я запнулся только на ретрансляции “африканской” теории происхождения человека. Об остальном из прочитанного научных альтернатив не встречал. И что же? Только на основании приверженности кого-либо “африканской” теории следует считать, что и остальное – ложь/заблуждение? Чтение его книг – пустая трата времени? Если так, то мне бы (полагаю, не только мне) не помешали соответствующие аргументы или ссыла на них. Насколько мне известно, А. Марков в рядах 24-х не значится. За что презирать, чему смеяться?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[20.10.2016 в 21:47](#)

>> Нахватавшись всего такого в СМИ, сторонний наблюдатель на пути познания может только ужаснуться. Потому что единственный способ что-

либо достоверно познать – это самому стать учёным. И пройти весь путь познания человечества. Чтобы проверить и убедиться. На это не хватило бы и жизни, если бы хотя бы хватало ресурсов.

Уважаемый Сергей, не стоит преувеличивать. Каждый сам делает для себя выбор, на каком уровне он/она хочет углубиться в вопрос. Если человек «нахватывается всего такого в СМИ», то он выбор уже сделал, и никто при этом не ужасается.

На недавней конференции «Ученые против мифов», которая оказалось совершенно низкопробной, да и что можно было ожидать от конференции под таким названием, одна из слушательниц задала вопрос – кому верить? Все друг другу противоречат. Докладчица, С. Боринская, не нашла ничего умнее чем сказать – верьте мне и сайту «Антропогенез»! «Верьте мне» – сказала патологическая лгунья Боринская, представляете? Это та, которая в своем докладе показала якобы мою цитату – «Славяне – это арии, а кто не согласен, тот русофоб». Там – сплошная ложь. Во-первых, такой цитаты у меня нет и быть не может. Во-вторых, славяне – это не арии, они относятся к разным историческим эпохам. Славяне – это потомки ариев, и то при соответствующем определении ариев, как носителей субклада R1a-Z645. Если кто с таким определением не согласен, интересно послушать, почему, и какие аргументы будут выдвинуты, если вообще будут. В-третьих, кто с этим положением не согласен, к русофобам не имеет никакого отношения, если только не удовлетворяет целому комплексу факторов, указывающих на русофобию.

А название конференции низкопробно, потому что название «ученые против мифов» – порождение людей с крайне ограниченным количеством извилин в мозгу. Миф по определению есть необоснованное утверждение или повествование, лишенное опоры на строгое доказательство или надёжное свидетельство. Какой смысл ученым быть против мифов, когда они по определению к науке не относятся? Но когда постановка самой тематики конференции есть профанация, то таковыми оказываются и все доклады. Так и оказалось, и в наибольшей степени доклад самой Боринской. Она возложила на себя миссию возглавить крестовый поход против «мифов», не понимая, что задача сама по себе пустая.

Если бы вопрос «кому верить» был адресован мне, я бы сказал, что за верой нужно идти в церковь. А для выяснения того, какая версия верна, нужно не с позиций «веры» подходить, а опираться на четкие научные принципы. Надо не принимать на «веру», а поднимать первоисточники информации, выяснять, насколько они базируются на фактах и прямых наблюдениях (понимая, что наблюдение – это часто субъективное восприятие), насколько эти факты воспроизводимы, повторяемы, и существует ли только одна интерпретация этих фактор и наблюдений,

или их несколько, и почему авторы принимают только одну интерпретацию и не упоминают другие (как слишком часто бывает), или же они добросовестно анализируют разные интерпретации. Например, когда я читаю про славяно-ариев, которые 800 тысяч лет назад бороздили космические просторы, то автоматически применяю те критерии, что описаны выше. Первое – где первоисточник? Какие свидетельства, доказательства? Какова проверяемость и воспроизводимость? Ясно, что ничего этого и близко нет. Вопрос закрыт. Ахинея. На самом деле нужна всего доля секунды, чтобы придти к такому выводу. То же самое при чтении «трудов академика Левашова».

Понятно, что для обычного читателя, который «нахватывается в СМИ», такой анализ с нахождением первоисточников граничит с невозможностью. Но тогда и не надо ставить вопрос «кому верить». Надо понимать, что вам скармливают «осетрину второй свежести», а обычно и вовсе не осетрину, и так к этому и относиться.

Надо понимать, что научно-популярные статьи на 95% (или 99%) пишут путем простого переписывания и пересказывания того, что автор прочитал, и усвоил (или переврал) в меру своей некомпетентности. И вот здесь пора упомянуть А. Маркова. Это – та самая обычная категория. Написали авторы статьи (2015) о том, что генетики якобы установили, что индоевропейские языки перешли из ямной культуры в Европу, вместе с ямниками, и Марков переписал то же самое, добавив восторгов. А что, кто ожидал от Маркова другого? Что он найдет, что в статье неверная методология и неверная интерпретация полученных данных? Ну что вы, для этого нужно иметь компетенцию, склонность к анализу исходных данных, знания, наконец. Что, кто ожидал, что Марков скажет – постойте, но ямники не могли перейти в Европу, у них субклад R1b-Z2103, а этого субклада в Европе практически нет, он сплошь на Кавказе и в Месопотамии. Нет, конечно, это не квалификация Маркова. Это намного выше. Вот археолог из США написала, что авторы написали полную чушь. Я написал это сразу после выхода статьи, больше года назад. А Марков не написал, он восторгался в популярной статье тем, как авторы блестяще анализировали данные и пришли к тому, что было ранее известно, но пришли уже на геномном уровне. Тем самым Марков вывел себя из категории неординарно мыслящих ученых, где, впрочем, он никогда и не был. Остался в категории ремесленников. Пусть и популяризаторов.

То же и по выход из Африки. Опять, Марков просто повторяет то, что пишут другие, причем не просто пишут, а пересказывают друг друга. Да, книга «Эволюция человека», но – ни одной свежей мысли. Ресайклинг. Да, популяризатор. Но не надо путать популяризаторов и ученых. Очень редко, когда это вместе. Ричард Фейнман, например. Есть разница с Марковым? А поскольку Марков переписывает то, что

«кошерно», что уже освящено авторитетами, но он по определению не может быть «на переднем крае сей науки». Раз другие говорят о «выходе современного человека из Африки», то и Марков туда же, повторяет. А кто приводит данные о том, что это совершенно не доказано, показывает другие данные и их интерпретации – для Маркова это ересь, ведь принято другое! Он не хочет (именно так) замечать нарастающий поток статей, которые возражают против гипотезы «выхода из Африки», или предлагают другие варианты эволюции человека. Кстати, на этой неделе вышла очередная статья из этой серии, в ведущем генетическом журнале мира (*Human Genetics*, 2016, 135:1365–1373), полностью посвященная геномам африканцев, и в которой ни словом не упомянут «выход из Африки». Это уже серьезное нарушение канонов, установленных среднячками. Надо, чтобы каждый уже во введении к статье присягал верности среднячкам.

Нет, вопрос не в том, что кто-то приверженец «африканской теории», само по себе это никак людей не характеризует, как и их научный уровень. Что делать – отсутствие нестандартного мышления пороком не является, просто выводит такого из лидеров в науке, из творческих ученых. Вопрос в другом – как они относятся к тем, кто приверженцем не является. Как они относятся к тому, что переписывают явно ошибочные статьи в популярном виде, их нахваливая. Презирать таких не стоит, есть ученики, и есть первые ученики. Марков – не из первых учеников в этом отношении. Но кое-что за ним числится, ну да ладно, зачтется не одним, так в другом.

Сергей говорит:

[24.10.2016 в 19:10](#)

>> *Наука – это деятельность, направленная на формулирование законов природы и общества (на Западе – только законов природы, остальное – не наука, а «гуманитарность»)*...

Уважаемый Анатолий Алексеевич, в связи с вышеизложенным вопрос, присуждают ли учёные степени (PhD) на Западе историкам или чтобы присвоили необходимо обязательно использовать в работе естественнонаучные методы, как бы уже не Humanity, а Social Science?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[25.10.2016 в 04:22](#)

>> *Наука – это деятельность, направленная на формулирование законов природы и общества (на Западе – только законов природы, остальное – не наука, а «гуманитарность»)*...

>> присуждают ли учёные степени (PhD) на Западе историкам или чтобы присвоили необходимо обязательно использовать в работе естественнонаучные методы...

Уважаемый «Сергей», две цитаты выше не имеют друг к другу никакого отношения. Вопрос отражает обычное заблуждение, что ученую степень PhD присуждают за естественно-научные исследования. На самом деле это не так. PhD – это «доктор философии», и эту степень присуждают за исследования практически во всех направлениях, включая и историю, и музыку, и физику, и химию, и литературу, и искусство, и религию, и что угодно. Для присуждения этой степени нужно выполнить определенные требования, задаваемые университетом (или учебным заведением подобного ранга), ученый совет которого присуждает степень.

Заданный вопрос отражает еще одно заблуждение – что система присуждения ученых степеней в России подобна системе присуждения степеней за рубежом. Это не так. За рубежом есть множество видов ученых степеней. Более того, в США нет аналога «ВАКа», то есть органа, который утверждает присуждения ученых (или любых других) степеней, там университеты имеют в этом отношении полную самостоятельность. Например, Массачусеттский технологический институт (и некоторые университеты) присуждает свою ученую степень, DSc, то есть «доктор наук», ее присуждают только за исследования в естественно-научных исследованиях и инженерии, и не присуждают за исследования в ряде гуманитарных направлений.

И. Рожанский говорит:

[07.10.2016 в 13:39](#)

>> переправились через узкий пролив, отделяющий ее от Аравии, и стали двигаться на восток вдоль берега океана...

Столь любимый поппенетиками, журналистами и телевизионщиками “береговой маршрут” – это чистой воды гомункулус, не подтвержденный ничем, детище одномерной компьютерной модели. Очевидно, ее авторы имеют представление о береге океана исключительно по пляжам Гаваев или Калифорнии, где чаще всего и проходят съемки многочисленных научно-популярных фильмов об истории человечества.

В комментарии, размещенном чуть выше, я уже отметил, что в популяционной генетике домашних животных царит совсем другая атмосфера. Никаких междусобойчиков, неряшливости и замечаний неудобных данных под ковер. Идет нормальная научная дискуссия, хотя, казалось бы, с бессловесными созданиями можно допустить больше вольностей. В чем же дело?

Сергей говорит:

[08.10.2016 в 15:21](#)

Понимаю, что вопрос поставлен чтобы задуматься, но лично я задумывался на эту тему давно, поэтому отвечу, очевидно, что это идеология, очевидно, что это политика, очевидно, что это популизм. Или думаете Анатолий Алексеевич просто так пишет об их антипатриотической мотивации? Нет, если их действия, опусы, проанализировать, то эта их идеология объективно подтверждается, приобретает вполне себе осязаемые формы. И еще, если бы популяционные генетики занимались популяционной генетикой, то есть теми целями и задачами, которые стоят перед генетикой как части биологии, претензий бы к ним не было или они были бы сведены к минимуму. Но они же теперь, в лице Балановских, историки, называют себя геногеографами и прикрываются фразой Серебровского от 1928-го года, что это историческая наука, хотя очевидно, что методологии у них не было и нет. Еще один вопрос с целью задуматься, так зачем им это надо? А про животных такого поля для идеологических манипуляций нет, там более чистая наука.

Виктория В.С. говорит:

[08.10.2016 в 09:14](#)

Тема: “полный геном”

Уважаемый Анатолий Алексеевич, хотелось бы обсудить сущность “полного генома”. В частности, в чём выражается его так называемая “полнота”? И как эта “полнота” умудряется игнорировать субклады и маркеры?

Сергей говорит:

[09.10.2016 в 18:18](#)

Я бы конкретизировал вопрос, методы: PCA (principal component analysis), MSMC (Multiple sequentially Markovian coalescent), ADMIXTURE, ALDER и GLOBETROTTER.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[10.10.2016 в 00:28](#)

Уважаемая Виктория Викторовна, «полнота» генома выражается в том, что изучают полный геном, все его хромосомы, а не только Y-хромосому или какую-то одну другую хромосому. Как правило, цель исследования

– выявить связь между снипами группы тестируемых и признаками, присущими им всем или их части. Это могут быть определенные заболевания, или предрасположенность к ним, фенотипические признаки, территориальные отнесения (определенные популяции), ископаемые костные остатки, и многое другое.

То, что при этом, как правило, игнорируются гаплогруппы, субклады, гаплотипы, хотя это технически очень просто определить по геномным данным (и порой определяют, но практически не обсуждают), имеет ряд причин. Одна причина – банальная некомпетентность. Ну не умеют они с ними работать, не чувствуют, не ощущают. Другая причина – это может подвергнуть сомнению выводы, полученные по геномным данным, а зачем это им нужно? Они же прекрасно понимают, на какой шаткой основе стоит их «геномный анализ». Но этот «геномный анализ» выдает компьютер, на основе множества формализованных показателей, а над гаплотипами и гаплогруппами нужно думать. Но мешает банальная некомпетентность. Всё, круг замкнулся.

Кто-то подумает, что я сильно упрощаю, до гротеска. Ничего подобного. Недели три назад у меня был долгий разговор по скайпу с одним из крупнейших специалистов мира по «широкогеномному анализу», автором многих статей в Nature и Science, «именным профессором» (если будут вопросы, поясню). Его имя знает любой, кто хоть как-то соприкасался с геномным анализом. Я говорил именно о том, какой ущерб приносит широкогеномному анализу то, что в статьях не рассматриваются гаплотипы, субклады и гаплогруппы, а если (редко) и рассматриваются, то только для сведения, в таблицах и списках в приложениях. Привел ему десяток примеров – и по Мальте на Байкале, и по ямной культуре, и по афанасьевской культуре, и по Индии, и по Египту, и по Ближнему Востоку, и по Африке, и другие примеры, где выводы в статьях были либо совершенно примитивными, или уклончивыми, или просто неверными, и все потому, что не рассматривали гаплогруппы и гаплотипы. Сначала он сопротивлялся, что, мол, геномные данные настолько выше по рангу, что даже нечего и сравнивать. При этом, что меня сначала позабавило, все время путал мтДНК с Y-ДНК, причем даже не просто путал, а все время произносил «мтДНК», типа что, мол, вы сравниваете мтДНК с полным геномом. Потом выяснилось, что для него все то, что не геном, это «мтДНК». Про Y-хромосомные исследования субкладов, гаплотипов, и вообще все, что изучает ДНК-генеалогия, он, похоже, вообще ничего не знал.

Но под давлением того, что я говорил, рассматривая конкретные «выводы» «широкогеномных» статей, и противопоставляя им наши данные, ДНК-генеалогии, он стал «проседать». Стал чесаться, в буквальном смысле (мы по скайпу общались), и приговаривать, что это «valid point», и это тоже «valid point», и то... Потом загорелся, и стал

говорить, что это очень важно, рассматривать совместно «широкогеномные данные» и подходы ДНК-генеалогии. Только он в этом не очень разбирается. Но, сказал, что у него есть толковые сотрудники. Дошло до того, что мы наметили план совместных исследований, и я продиктовал ему для начала конкретные вопросы, а именно поручить его сотрудникам пройти по тем геномным данным, которые опубликованы, и вытащить снипы и гаплогруппы из ископаемых ДНК. Договорились опять обсудить эти дела по скайпу через две недели, наметили день и час, и что с его стороны будут он и несколько сотрудников. В назначенное время я сел к скайпу, но никого не было. Вечером написал его секретарше (вся переписка идет через нее). Она ответила, что сессия отменена, потому что «у сотрудников не возникло интереса».

Выводы делайте сами. Я сделал. Легко представить, что сотрудники ему сказали – а зачем это нам надо? Статьи идут одна за одной в лучшие журналы мира, и вдруг выяснится, что у нас проблемы, выводы неверны, методологию надо переделывать... Вот такая нынче наука, что попугенетика, что «широкогеномная» попугенетика. Хрен редьки не слаще.

Геннадий говорит:

[21.10.2016 в 00:54](#)

>> хотя это технически очень просто определить по геномным данным...

А при полногеномном сиквенсе каким-то более качественным способом определяют гаплогруппы, чем в исследованиях с использованием ПЦР (PCR)? Когда [в недавней работе](#) опубликовали, что у образцов LOK_1980.006 и LOK_1981.024.01 с участка Локомотив Глазковского некрополя в Иркутске (8000-6800 л.н.) определили Y-хромосомные гаплогруппы R1a1-M17, то некоторые комментаторы, при обсуждении этой статьи, сначала сомневались, не были ли загрязнены эти образцы современной ДНК.

И. Рожанский говорит:

[21.10.2016 в 03:39](#)

>> сомневались, не были ли загрязнены эти образцы современной ДНК.

Эти комментаторы, надо думать, из тех, кто обсуждает вкус устриц, никогда их не пробовав. Существуют аналитические методы, которые позволяют отличить современную ДНК от пролежавшей в земле многие столетия, и в диссертации, на которую Вы дали ссылку, такой анализ был проделан. Собственно, без него научный руководитель ([Fiona](#)

[Bamforth](#)) просто не допустил бы соискателя к защите. Почему экспериментальные данные, обработанные, судя по ссылкам и терминологии, еще в конце 2000-х, были обнародованы всего менее года назад и до сих пор не опубликованы в реферируемых журналах, не совсем понятно. Но это уже внутренние дела Университета провинции Альберта, а не досужих комментаторов, рассуждающих в духе “этого не может быть, потому что этого не может быть никогда”. Если посмотрите на схему YFull, то для ветви, характеризуемой снипом M17 (на дереве она маркирована эквивалентным ему M198) указаны следующие датировки: formed 15800-12500 ybp, TMRCA 9800-7300 ybp. Как видите, данные с Байкала ничем не противоречат ни первой датировке, ни даже второй, что отмечает развилку основной массы носителей R1a с редкой ветвью YR1051, найденной в Европе. Поскольку данные из диссертации уже вошли в научный оборот, то и обращаться с ними надо соответственно, а не изображать из себя всезнаек, у которых на все готов ответ.

И. Рожанский говорит:

[21.10.2016 в 07:42](#)

Если кому любопытно, то вот [ссылка на автора диссертации](#). Вероятность загрязнения образцов Y-хромосомой от человека, непосредственно с ними работавшего, стремится к нулю.

Геннадий говорит:

[22.10.2016 в 00:50](#)

Игорь Львович, вопрос остаётся – при одинаковой сохранности древнего образца полногеномный анализ позволяет более глубокие субклады узнать, чем ПЦР или нет?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[23.10.2016 в 15:34](#)

>> *хотя это технически очень просто определить по геномным данным...*

>> *А при полногеномном секвенсе каким-то более качественным способом определяют гаплогруппы, чем в исследованиях с использованием ПЦР (PCR)?*

Я не схватываю, причем здесь PCR. Есть полногеномный нуклеотидный анализ, и есть анализ фрагментов ДНК, в том числе Y-хромосомы. PCR (полимеразная цепная реакция) – это (в частности) способ амплификации ДНК, то есть приумножения следовых количеств ДНК до их рабочих концентраций, чтобы было с чем работать.

Попробую переформулировать Ваш вопрос – можно ли по данным полногеномного сиквенса (то есть определения нуклеотидной последовательности) Y-хромосомы ДНК (Y-хромосомы, поскольку вопрос был по гаплогруппам) надежно определять гаплогруппы и субклады? Ответ – можно, конечно. Ведь и гаплогруппы, и субклады, все до одного, вплоть до всех нисходящих снипов до каждой конкретной семьи, и все гаплотипы до единой аллели (то есть числа повторов) – все это «записано» в нуклеотидной последовательности Y-хромосомы. Иначе говоря, данные нуклеотидного анализа Y-хромосомы (полногеномный анализ для этого не нужен) позволяют определять все гаплогруппы и все их нисходящие снипы, все тысячи и десятки тысяч, и все маркеры гаплотипов, вплоть до примерно 2500 маркеров, и числом повторов (аллелей) для каждого маркера (стиры).

Здесь есть только две проблемы – во-первых, анализ должен быть надежным и воспроизводимым, и, во-вторых, должно быть желание это делать. Если первое – это проблема техническая, и в целом решаемая (хотя пока и довольно дорогая), то второе – проблема ментальная. Ну не хотят генетики это делать, их это не интересует. Я недавно описал здесь мой разговор с одним из ведущих генетиков мира, в котором (разговоре) предложил именно это – определять гаплогруппы, снипы и гаплотипы из уже имеющихся данных геномного анализа. Он сначала зажегся, а потом его, видимо, отговорили, типа – зачем это нам нужно? Нам и так хорошо, статьи идут потоком, в лучшие журналы, а ну как из этой новой информации что-то новое полезет, тем более что мы в этом не разбираемся? И это новое будет противоречит уже устоявшемуся старому? Нет, меньше знаешь, лучше спишь.

>> Когда в недавней работе ...опубликовали, что у образцов из ...некрополя в Иркутске (8000-6800 л.н.) определили Y-хромосомные гаплогруппы R1a1-M17, то некоторые комментаторы... сомневались, не были ли загрязнены эти образцы современной ДНК.

Сомнения уместны, потому что в ряде случаев это было именно так. Как-то даже нашли, что неандерталец имел гаплогруппу R1b, и это поначалу попало в Википедию. Потом сняли, а техника-лаборанта (с гаплогруппой R1b) уволили. В данном случае (недавняя статья из Канады) этому вопросу было уделено особое внимание. Но, конечно, было бы лучше, если бы не остановились на R1a-M17, а прошли глубже, тем более что геномные данные все равно есть и уже «складированы». Тогда, если бы нашли, что образец имел только R1a-M17*, то есть ниже его никаких снипов в данной линии уже нет, то вопрос о загрязнении можно практически снимать. А если окажется, что там R1a-M17-Z284-L176, которому 1950 лет, то пиши пропало.

И. Рожанский говорит:

[24.10.2016 в 07:43](#)

>> при одинаковой сохранности древнего образца полногеномный анализ позволяет более глубокие субклады узнать, чем ПЦР или нет?

Анатолий Алексеевич уже дал исчерпывающий ответ. Добавлю к этому только, что используемая в полногеномных исследованиях техника “shot gun” (букв. “ружейный выстрел”) применительно к сильно деградированной ископаемой ДНК дает, как правило, большой набор коротких, иногда всего в несколько нуклеотидов, фрагментов, которые затем с помощью специальной программы размещают на так называемой сборке – эталонном образце ДНК, прочитанном с высоким покрытием. Задача напоминает сборку пазла из кусочков, большая часть которых потеряна, а оставшиеся побывали в стиральной машине. Как правило, восстановленные фрагменты слишком коротки, чтобы по ним можно было сосчитать число повторов в локусах STR, а потому ни одна из последних работ по полногеномному анализу ископаемой ДНК не дает возможности реконструировать гаплотипы.

Это позволяет сделать традиционная техника, которую Вы не совсем точно назвали ПЦР, но она более трудоемкая, чем автоматизированный shot gun, и не слишком благодарная, потому что анализ может не дать никаких результатов, если нужный сегмент полностью разрушен. В варианте shot gun есть возможность найти снайпы, эквивалентные тому, что не читается, что повышает вероятность положительного результата. Для старых гаплогрупп число снайпов-“дублей” исчисляется десятками и даже сотнями, потому без особого труда авторы получают такие результаты, как гаплогруппа СТ* или F*, и не слишком забивают себе голову более детальным исследованием. Иногда эту работу берут на себя любители, использующие опубликованные файлы с данными сиквенсов, но их выводы далеко не всегда надежны, а порой противоречат друг другу.

Методы дополняют друг друга, а потому в идеале, Y-хромосому надо исследовать обоими, а затем сличать их результаты, но едва ли кто-то будет этим сейчас заниматься.

>> В данном случае (недавняя статья из Канады) этому вопросу было уделено особое внимание.

По части контаминации на этапе выделения и амплификации Y-ДНК особых претензий не возникает хотя бы потому, что вся эта работа была выполнена женскими руками. Насколько знаю университетскую систему, штат техников и лаборантов там минимален, а их рабочий день строго регламентирован, а потому всю их работу проделывают сами аспиранты. В данном случае, аспирантки.

Чисто теоретически контаминация могла произойти еще до того, как археологи обнаружили захоронение. В отличие от образцов, что извлекают из пещер в труднодоступных местах, материал, с которым работали канадцы, нашли в городской черте Иркутска, на территории парка им. Парижской Коммуны. Кто и что там закапывал за 350 лет существования города, неизвестно. Например, всего в двух километрах от места раскопок ниже по течению Ангары в 1920 году был расстрелян адмирал А.В. Колчак, местонахождение останков которого неизвестно.

Возможно, это одна из причин, которой вызвана осторожность авторов в плане публикации своей работы. Очень трудно доказать, что образцы “чистые”, если рецензент настаивает на обратном. Была бы пещера или отдаленная деревня, как Мальта на той же Ангаре, вопросов, наверное, не возникло бы. Зная высокий уровень отечественной археологии, сильно сомневаюсь, что археологи могли что-то перепутать, а потому эта версия также маловероятна. Проверка на нисходящие сиппы, конечно, поставила бы точку в этой истории, но едва ли ее будут проводить. Диссертация успешно защищена, и на этом обычно все заканчивается.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.10.2016 в 05:19](#)

>> Я бы конкретизировал вопрос, методы: PCA (*principal component analysis*), MSMC (*Multiple sequentially Markovian coalescent*), ADMIXTURE, ALDER и GLOBETROTTER.

Уважаемый «Сергец», я бы советовал Вам выбрать одно из двух – либо не забивать себе голову тем, что Вам все равно не пригодится, либо заняться геномным анализом, и тогда осваивать все эти (и другие) формализованные методы компьютерной обработки данных. А лучше – ввести в геномный анализ гаплогруппы-субклады-гаплотипы, и вести перекрестную сверку получаемых данных и выводов. Сразу скажу, что к науке перечисленные выше (курсивом) методы имеют отношение такое же, как выбор между логарифмической линейкой, счетами или электронным калькулятором при проведении арифметических подсчетов. Другими словами, это просто программные инструменты, которые делают в данном случае возможным обрабатывать большие массивы данных. Чтобы было более понятно, сообщу, что построение деревьев гаплотипов само по себе тоже наукой не является. Это не наука – забить в текстовую матрицу серию гаплотипов, нажать на кнопку, получить намного бóльшую матрицу чисел, с помощью «копи – пейст» перенести ее в третью матрицу, нажать кнопку и получить дерево гаплотипов в том или ином исполнении. Это может сделать любой третьеклассник при минимальном обучении.

Наука – это выбор серии гаплотипов, которые должны отвечать определенным научным критериям (а не абы как), и проведение последующих исторических реконструкций в сопровождении датировок, полученных опять же или творчески, в результате разработки и верификации новых подходов, или с помощью известных подходов, но при творческом осмыслении. Этого не сделает ни третьеклассник, ни популяционный генетик, будь он кандидат наук или профессор. Многие примеры приведены в статье «Балановщина» на Переформате и в книге «Кому мешают ДНК-генеалогия» (2016). Вспомните, что когда я предложил дать пару простеньких примеров для расчета серии гаплотипов некому Пежемскому с кафедры антропологии МГУ, то он попросил не давать, потому что не знал, что с ними делать. Так что он не только науки не знал, но и простого инструментария для простенького анализа гаплотипов. Это, правда, не помешало ему подписать коллективное письмо против ДНК-генеалогии. Простой инструментальной наукой уже не является, но вопрос в другом – понимает ли он, что критикует (это описано несколько ранее на Переформате).

Таким же образом, это не наука – применять программы для формализованной компьютерной обработки массивов геномных данных. Например, подход PCA просто раскидывает вводимые данные по диаграмме, исходя из их «похожести». Это не только относится к геномным данным, но к чему угодно, например, к архитектуре. Введите примеры московских высотных зданий, африканских хижин, азиатских фанз и подобной им архитектуры, и программа тут же раскидает их по трем разным и удаленным друг от друга «кластерам». Если, конечно, вы введете характерные признаки этих зданий и сооружений. Но вряд ли вы будете утверждать, что полученные три кластера – это «наука». Globetrotter – это другая программа, предназначенная для анализа серий гаплотипов, которые имеют общие особенности между разными популяциями, и компьютер показывает, было ли в прошлом смешивание между ними, и если было, то когда. Обычно при этом получается размазанное облако точек, которое можно крутить так или иначе. Если облако только умеренно размазанное, посмотрите на подпись к диаграмме, там обычно стоит, что это «симуляция», то есть специально придуманная демонстрация работы программы.

Но главное вот в чем – все эти и другие подходы систематически приводят к принципиальным ошибкам и искажениям в «выводах» геномного анализа. Все это применялось в статье, согласно которой носители ямной культуры (в основном гаплогруппы R1b-Z2103) якобы ушли напрямую на запад, в Европу, неся с собой индоевропейские языки (что неверно), и в статье, что потомки племени мальчика из байкальской Мальты (гаплогруппы R) якобы ушли в Америку (что неверно), и в статье, которая так и не смогла показать, откуда и когда в Индии появились арии, и в статье, что древние африканцы «вышли из Африки,

пересекли пролив и двигались по береговой полосе на восток», вкушая богатые морепродукты (никаких данных к тому в той и подобных статьях нет), и в статье, что африканцы якобы вышли из Африки через Египет, потому что гаплогруппы в Египте те же самые, что в Азии (это вообще цирк), и в статье, что древние жители Ирана мигрировали на север, в степи, и стали степняками (ничего этого на самом деле в статье не показано), и что хазары, которые потом ушли на Запад и стали ашкенази, являются потомками кавказцев, потому что и у ашкенази, и у кавказцев есть гаплогруппы G2a, R1b, R1a, Q, J1, J2 (это тоже смешно), и многое другое. И это при том, что в тех «геномных» статьях использовались те самые PCA, Globetrotter, и все прочие перечисленные в цитате выше подходы. Не помогло. Не они, не те программы, делают науку, а творческий, осмысленный, оригинальный, с новизной научный анализ данных. А «поп-шир-генетики» вместо того выступают как ремесленники, по принципу бери больше, кидай дальше.

И. Рожанский говорит:

[10.10.2016 в 07:58](#)

По поводу беседы с “именным профессором” и его отношения к Y-ДНК я бы провел аналогию с профессором медицины, который ставит диагноз пациенту. Врачу совершенно неважно, за исключением каких-нибудь специальных случаев, какая у пациента фамилия, домашний адрес и т.п. Его задача – разобраться с организмом больного и назначить ему курс лечения. Однако, для регистратуры больницы анкетные данные пациента выходят на первое место. Если там ошибутся и перепутают анализы или рецепты лекарств, последствия могут быть самыми печальными.

Так вот, для профессиональных генетиков гаплогруппы-гаплотипы-субклады – это та самая “регистратура”, деятельность которой их, по большей части, не касается. У них другие задачи, для решения которых были разработаны весьма изощренные математические методы. В свою очередь, у тех, кто владеет этими методами, сложилось (явное или неявное) пренебрежительное отношение к работам по некомбинируемой части ДНК, в том числе и по причине относительной простоты последних. В итоге, когда стали поступать данные по ископаемым геномам, исследования их Y-хромосомы были окончательно задвинуты на задний план, и все выводы стали делаться исключительно по аутосомным маркерам.

По своему объему геномные данные на порядки превышают Y-хромосомные, что также создает ощущение большей точности и надежности. Однако, это только иллюзия. Ситуация осложняется тем, что современный человек – это очень молодой биологический вид, и его генетическое разнообразие намного ниже, чем, например, у

беспозвоночных, на которых отработывались все методы генетики. Соответственно, всего несколько процентов генома человека показывают какие-то корреляции с географией, а в пределах метапопуляций (континентов или больших регионов) она падает до 1% и менее. Остальные маркеры равномерно рассеяны среди всех людей. Так что сценка, придуманная Г. Данелия, но не вошедшая в фильм “Мимино”, что “эти русские все на одно лицо”, имеет вполне реальное подтверждение со стороны генетики.

Дисциплины, носящие название геногеографии и этногеномики, имеют дело с той самой горсткой маркеров, что варьируют от народа к народу. В абсолютных цифрах их также очень много, но всякий, кто имеет представление о математической статистике, скажет, что любой метод, позволяющий отфильтровать нужный массив данных, предполагает более широкий коридор погрешностей в сравнении с исходным массивом. Существуют различные методы его сузить, но изначально увеличение погрешности обратно пропорционально доле отфильтрованных данных. То есть, “вырезая” 1% от генома, мы загубляем информацию в 100 раз.

Если счет идет на миллиарды нуклеотидов, как в полных геномах, то это позволяет получить вполне приемлемый для дальнейших расчетов уровень даже для столь малых фрагментов. Однако, такой полный сиквенс пока остается штучным продуктом, и на практике ограничиваются частичным сиквенсом в нескольких десятках миллионов пар нуклеотидов и менее. Например, в самом массовом из них тесте Family Finder, предлагаемом компанией FTDNA, типировать около 700000 пар. Соответственно, уровень шума существенно повышается в сравнении с эталонными образцами. Когда делают сиквенс сильно деградировавшей ископаемой ДНК, то даже уровень Family Finder оказывается недостижим для большинства образцов. Иногда удается определить всего несколько десятков тысяч пар нуклеотидов, а сиквенс в размере 200-300 тысяч пар на весь геном считается хорошим результатом. Уровень шума приближается к критическому, какими бы изощренными методами ни пытались его подавить.

Это еще не все, потому что выделить сырой массив снипов – это полдела. Надо его еще обработать, чтобы получить какие-то реальные выводы. Любая математическая модель, даже самая продвинутая, неизбежно будет отсекал часть информации и загонять ее в прокрустово ложе присущих ей допущений. Скажем, столь любимая популяционными генетиками программа ADMIXTURE может дать сильно различающиеся разложения по компонентам при сравнительно небольших вариациях вводных параметров. В этом нетрудно убедиться, заглянув на многочисленные любительские сайты, где любой желающий может ознакомиться с

процентами “фермеров-собираателей” всех мастей в своем геноме.

Не менее любимое разложение по принципиальным компонентам (РСА) – это вообще чисто иллюстративный метод, ни к чему не обязывающий. Есть более продвинутый метод, носящий название f-статистики, который позволяет ввести в расчет константы скорости мутаций и проверять гипотезы о направлении миграций. Однако, если не поленишься и прочтешь сопроводительные материалы к самым цитируемым статьям по ископаемой ДНК, то на графиках с результатами f-статистики можно увидеть такие коридоры погрешностей, что графики с китайскими фамилиями, которые приводил Анатолий Алексеевич, будут на их фоне смотреться вполне достойно. Впрочем, таких дотошных читателей мало, и большинство удовлетворяется тем, что сообщает автор в резюме статьи, а еще чаще – пересказом журналистов, пишущих на научные темы и не имеющих представления, на какой зыбкой почве построены все эти выводы.

Если суммировать материал, накопленный в геногеографии человека по геномным данным, то в современных популяциях мы наблюдаем плавное перетекание от одной популяции к другой по цепочке. Как правило, геномные кластеры, что выделяют по тем или иным критериям, совпадают с данными по антропологии соответствующих групп населения, намного реже – с их этнической принадлежностью и языками. Результаты вполне надежные и ожидаемые, но в них отсутствует временная составляющая.

Как только ее пытаются вводить, привлекая фрагментарные данные по ископаемой ДНК, начинаются гонки на льду в густом тумане. Математики, которые разрабатывают компьютерные модели и проводят очень трудоемкие расчеты, в силу своей профессиональной подготовки просто не курсе того, что существуют еще методы анализа с помощью Y-хромосомы, что сыграли бы роль маячков в этом тумане. Им это можно простить, а вот профессиональным популяционным генетикам, с легкостью убравшим неудобные для них гаплогруппы и гаплотипы в чулан – едва ли. Дурная манера заметания под ковер продолжается.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[11.10.2016 в 08:58](#)

>> *Дурная манера заметания под ковер продолжается.*

Да, эта порочная манера «широкогеномных» популяционных генетиков не только продолжается, но прогрессивно развивается. Можно взять любую статью в любом престижном научном журнале, в которой обрабатываются геномы, порой десятки и сотни геномов в одной статье, для выяснения направлений и датировок древних миграций, и сразу станет очевидной

«система» генерирования совершенно мутных манипуляций с сотнями тысяч и миллионами «экспериментальных точек», которые формализованно обрабатывают на суперкомпьютерах. Какую бы статью мы не взяли, картина одна и та же. Это вязкий стиль изложения материала, использование массы компьютерных программ для опять же формализованного анализа, который часто является изошренной подгонкой данных под сделанные предположения, или для показного «выбора альтернативы» между двумя предположениями, которые проверить все равно нельзя. Во всяком случае, пока. Опять вспоминается борьба нанайских мальчиков. А если ответ уже существует (далеко не обязательно обоснованный), то под него и подгоняется. Зачем чему-то противоречить? А то начнут искать, почему противоречит, а это авторам не нужно. Само собой, в статье десятки авторов. Само по себе это не есть недостаток, но за этим кроется другое – фактически, круговая порука. Показная демонстрация единства всех сколько-нибудь заметных лидеров и незаметных исполнителей в этом направлении новой науки. Чтобы всем стало ясно – тронешь одного, тронешь всех до единого. А ну-ка, рецензент, попробуй, только произнеси что-то, что нам не понравится... Мы тут все, как один, нас не замай!

Мое внимание привлекла заметка директора НИИ, фактически министерства здравоохранения, крупнейшего грантодателя США, под названием «Выход из Африки: анализ ДНК указывает на единственный основной исход», опубликованная несколько дней назад. Она уже в первой фразе сообщает, впрочем, как обычно, что *«предки всех людей прослеживаются в Африке. Это – безусловно»*. Я заинтересовался, может, что-то новое нашли, дополнительные обоснования? Но нет, никаких обоснований там не было, но было краткое описание трех статей, в которых это якобы было показано. Все три статьи – по геномному анализу, из них две профинансированы со стороны НИИ. Одной из этих статей в статье директора уделено особое внимание. Он сообщает, что статья «предлагает» (suggests), хотя на научном новоязе suggests теперь может означать «предполагает», «показывает», «описывает», что самые ранние обитатели Евразии вышли из Африки и начали генетически расходиться (diverge) по меньшей мере 50 тысяч лет назад, причем вышли в основном одной миграцией. Это – статья Дэвида Рейха, в которой рассмотрены 300 геномов людей (мужчин и женщин) из 142 популяций планеты. По сообщению директора, статья «suggests», что предки всех ныне живущих людей начали медленно расходиться на различающиеся популяции еще в Африке, примерно 200 тысяч лет назад, и 100 тысяч лет назад, опять же еще в Африке, приобрели заметные различия на генетическом уровне.

Надо сказать, что это вполне могло быть, и не это привлекло мое внимание. Известно, что гаплогруппа A00 образовалась примерно 200-240 тысяч лет назад, правда, никаких данных о том, что это было именно

в Африке, нет. Гаплогруппа A0 образовалась примерно 180 тысяч лет назад, и опять никто не знает, где это произошло, в Африке или нет. Датировки общих предков (методами ДНК-генеалогии) современных носителей гаплогрупп A00 и A0 в Африке показывают, что общие предки жили от 400-800 лет назад до пары тысяч лет назад. И даже если они жили в Африке 100-200 тысяч лет назад, их потомков за пределами Африки все равно нет, если не считать потомков чернокожих рабов, вывезенных из Африки несколько веков назад.

И дальше директор сообщает, что статья описывает, что общие предки неафриканцев жили примерно 50 тысяч лет назад. Это то же самое, что я многократно описывал в статьях и книгах. Ни о каком «выходе из Африки» это не говорит. Если построить дерево из сотен 111-маркерных гаплотипов от В до Т, то оно вполне симметрично, и сходится к общему предку, который жил примерно 63 тысячи лет назад, что совпадает с датировкой 64 ± 6 тысяч лет назад, которую мы вычислили с И.Л. Рожанским в статье в Adv. Anthropology еще в 2012 году. Обойдясь без геномных данных. Никакой Африки в этих датировках нет, и если попытаться подставить туда гаплотипы гаплогруппы А (в разных вариантах), то ничего хорошего не получится, она совершенно вылетает, не показывая никакой связи с гаплогруппами от В до Т. Причина проста – современные гаплотипы гаплогруппы А отличаются по мутациям от современных гаплотипов гаплогруппы В и прочих гаплогрупп на 400-450 тысяч лет. Не могла гаплогруппа В произойти от гаплогруппы А (в любых субкладах и прочих вариациях) 70-50 тысяч лет назад. Но популяции это так и не усвоили, потому что не смотрят на гаплотипы. Поэтому директор пишет – то, что предки неафриканцев жили 50 тысяч лет назад, и тогда же начали расходиться по своим ДНК, это согласуется с ранними представлениями, что они вышли из Африки в Евразию примерно в те же времена.

Итак, резюмируем описание директором НИИ: геном показывает, что предки африканцев жили 200 тысяч лет назад, 100 тысяч лет назад они значительно разошлись по своим ДНК, а предки неафриканцев жили 50 тысяч лет назад. Очень хорошо, но где данные, что они вышли из Африки? Те жили 200 тысяч лет назад, эти 50 тысяч лет назад, но где между ними «исход»? Откуда это следует?

Пришлось заглянуть в статью. Так и оказалось, это из геномных данных не следует. Авторы это просто постулировали. А как они постулат превратили в якобы свидетельство – об этом можно будет рассказать в другой раз. Но в любом случае, брать геномы африканцев без знания о том, какие у них гаплогруппы, нельзя. Например, если взять камерунцев гаплогруппы R1b, то надо понимать, что у них будет «admixture» с неафриканцами гаплогруппы R1b. Более того, возможно, проявится и фантомный «общий предок». Можно, конечно, начинать спорить, что

R1b камерунцев давно размыта другими снипами, но это опять будет спор «по понятиям», а надо – по науке. А для науки надо выяснить, как наличие у африканцев неафриканских гаплогрупп сказывается на компьютерной сортировке снипов. А неафриканских гаплогрупп у африканцев много, как мы уже знаем.

Сергей говорит:

[11.10.2016 в 19:44](#)

>> То есть, “вырезая” 1% от генома, мы загрубляем информацию в 100 раз.

>> Уровень шума приближается к критическому, какими бы изоциренными методами ни пытались его подавить.

>> Результаты вполне надежные и ожидаемые, но в них отсутствует временная составляющая.

Что и требовалось доказать. Нет вменяемой методологии, нет науки. Называй её хоть этногеографией, хоть геногеографией – это смешно. Поэтому пусть каждый занимается своим делом, генетики биологией, ДНК-генеалогии историей.

И. Рожанский говорит:

[11.10.2016 в 13:21](#)

>> статья описывает, что общие предки неафриканцев жили примерно 50 тысяч лет назад.

Африканцев тоже, если рассматривать доминирующую на континенте гаплогруппу Е. Современные ее носители сходятся к предку, жившему 54000±4000 лет назад (оценка YFull по снипам). Налицо явно выраженный вход в Африку, почти совпадающий, кстати, с оценками археологов о начале заселения Австралии. То есть, всюду шло активное освоение новых земель современными людьми, о стартовой точке и маршрутах которого пока можно только гадать. Следствием этого входа для Африки стало тотальное замещение местных Y-хромосомных линий, от которых остались столь малые обрывки, что по ним невозможно реконструировать ни сам факт выхода людей современного вида, ни его датировки, если он имел место в действительности. Геномные данные такой информации предоставить либо не могут, либо дают столь расплывчатую картину, что логические ходы авторов порой навевают мысль о толковании пророчеств Нострадамуса.

Если посмотреть последние публикации, посвященные филогении человека, то приводимые там чрезвычайно сложные схемы со

всевозможными схождениями, расхождениями и примесями геномов других гоминид чем-то напоминают схему движения планет в геоцентрической системе Птолемея. Судьба этой теории хорошо известна, равно как и судьба первых ее оппонентов...

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.10.2016 в 06:14](#)

>> *статья описывает, что общие предки неафриканцев жили примерно 50 тысяч лет назад.*

>> *Африканцев тоже, если рассматривать доминирующую на континенте гаплогруппу* Е.

Да, конечно. Эти два положения не противоречат друг другу, они базируются просто на разных определениях. В верхнем «*общие предки неафриканцев*» – это те, которые жили вне Африки, в том числе и 50 тысяч лет назад, и ранее. В нижнем «*африканцы*» – это те, которые сейчас живут в Африке, хотя их общие предки когда-то (в данном случае 50-60 тысяч лет назад) жили вне Африки. Поскольку мы здесь используем довольно легкий стиль, доступный для большинства, в отличие от академических статей, где каждое понятие должно быть определено и обосновано, мы часто называем «африканцами» людей как по нынешнему месту жительства, так и по гипотетическому происхождению из Африки, при обсуждении соответствующих гипотез. Строго говоря, эти понятия надо разделять. Тогда я определяю как «африканцев» только тех, чья ДНК-генеалогическая линия включает гаплогруппы А00, А0 и нижестоящие, А1а-М31 и нижестоящие, А1b1-І419 и нижестоящие. Да и то это определение условно, поскольку никаких данных о том, что все эти четыре линии (или хотя бы одна из них) произошли именно в Африке, нет. Ископаемых ДНК из Африки пока не изучали. Возможно, только линия А00 окажется по происхождению африканской, к тому же нисходящие линии от нее неизвестны. Так что отнести ее к «выходу из Африки» неуместно.

[Геннадий](#) говорит:

[14.10.2016 в 23:58](#)

Значит ли это, что некая pre-A00 или pre-A могла появиться в Африке?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[15.10.2016 в 17:35](#)

Слово «могла» настолько неопределенно, что его ранг примерно соответствует тому, что данная гаплогруппа могла произойти от инопланетян. Конечно, все могло быть. Но наука не оперирует понятиями «могла», ей нужны свидетельства, доказательства, факты. Их нет, ископаемых A00 нет, современные носители этой гаплогруппы имеют общего предка, который жил всего около тысячи лет назад. Сама гаплогруппа образовалась 200-230 тысяч лет назад. Где образовалась – неизвестно. Известно только то, что гаплотипы этой гаплогруппы исключительно далеко удалены от всех других гаплотипов планеты. A00 – совершенно отдельная линия. Высказывались предположения, что это admixture, то есть примесь, от древних гоминидов. Но это тоже на уровне «могла», никаких доказательств нет. Так что варианта два – либо A00 образовалась в Африке, возможно, и как боковой продукт древних гоминидов, либо образовалась все Африки, а потом туда передвинулась. Как видите, вопрос далек от решения. Подобные соображения применимы и к гаплогруппе A0.

Геннадий говорит:

[15.10.2016 в 20:34](#)

>> *Африканцев тоже, если рассматривать доминирующую на континенте гаплогруппу E. Современные ее носители сходятся к предку, жившему 54000±4000 лет назад (оценка YFull по сипам).*

На YFull написано [formed 65200 ybp, TMRCA 54200 ybp](#). Что тогда означает цифра 65200?

И. Рожанский говорит:

[16.10.2016 в 09:14](#)

>> *Что тогда означает цифра 65200?*

Это расчетная дата развилки с гаплогруппой D, от которой отсчитывают время существования гаплогруппы E как самостоятельной таксономической единицы. Потому и использовано слово formed (образовалась). Однако линии, что разошлись с современными носителями гаплогруппы E ранее 54 тысяч лет назад, либо пресеклись, либо пока не найдены. Если их обнаружат, то, соответственно, TMRCA (время до самого недавнего общего предка) сдвинется до более ранней даты, вплоть до Formed. Такое постоянно происходит по мере накопления данных, но на датировках точек ветвления это почти не сказывается.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[19.10.2016 в 10:00](#)

>> *Современные ee (гаплогруппы E) носители сходятся к предку, жившему 54000±4000 лет назад (оценка YFull по снипам).*

>> *На YFull написано formed 65200 ybp, TMRCA 54200 ybp. Что тогда означает цифра 65200?*

Она означает, что гаплогруппа E образовалась (по их данным) примерно 65200 (±3100) лет назад. Датировка 54000±4000 лет назад относится к последующей гаплогруппе E1-P147. Проблема в том, что YFull подают свои датировки в запутанном виде. Первая датировка – это рассчитанная для данной гаплогруппы E, а вторая, которую они почему-то называют TMRCA, относится к последующему субкладу (E1), и она либо моложе (в большинстве случаев), или равна первой, если нижеследующий субклад образовался практически тогда же, когда и родительский субклад. Характерно, что датировка образования гаплогруппы E практически равна (в пределах погрешности) датировке образования первой неафриканской гаплогруппы BT, 64000±6000 лет назад (рассчитано по мутациям в гаплотипах). В этом диапазоне образовались одна за другой дочерние от BT гаплогруппы – C, D, E, F (65900, 65200, 65200, 65900 лет назад, соответственно).

И. Рожанский говорит:

[19.10.2016 в 12:31](#)

>> *Датировка 54000±4000 лет назад относится к последующей гаплогруппе E1-P147...*

Если быть более точным, то она относится к времени жизни самого недавнего общего предка гаплогрупп E1-P147 и E2-M75. Если в будущем в современной или ископаемой ДНК обнаружится кто-то, у кого отсутствуют снипы как E1, так и E2, то это приведет к изменению TMRCA на схеме YFull, и время сдвинется глубже до развилки, начиная с которой у “новичка” отсутствуют снипы, общие для E1 и E2. То есть, под TMRCA в этом контексте подразумевается **время жизни самого недавнего общего предка всех известных на сегодняшний день представителей той или иной генеалогической линии, как современных, так и определенных по ископаемой ДНК.**

Определение математически строгое, и никакой запутанности я в нем не нахожу. Показательный пример – гаплогруппа A00, которая образовалась более 200 тысяч лет назад, но имеет TMRCA порядка 1000 лет. Где там путаница? Может быть, чувство отторжения возникает оттого, что, по определению, TMRCA – величина “плавающая”, поскольку зависит от поступления новых данных по анализам BigY?

Если, допустим, обнаружат гаплотип, имеющий общие снипы с камерунцами из A00, но расходящийся с ними на многие тысячелетия, то это скачком отодвинет TMRCA для этой гаплогруппы до расчетного времени общего предка обеих ветвей. То же самое постоянно происходит в меньшем масштабе даже для детально исследованных гаплогрупп, что совершенно закономерно, если исходить из определения, данного выше. Претензии могут быть к алгоритмам, по которым делаются такие расчеты. но не к формулировкам как таковым.

Сергей говорит:

[11.10.2016 в 17:14](#)

Тема: языкознание

26 сентября 2016 года состоялось очередное заседание Президиума Российской академии наук. Докладчик – член-корреспондент Анна Владимировна Дыбо, Институт языкознания РАН. В числе принявших участие в обсуждении профессор РАН О.П. Балановский – Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН.

Отрицается прародина ИЕ в ямной культуре и Курганная гипотеза! Распад славянских языков удревняется до II века нашей эры, попытка сопоставления с археологическими культурами и т.д. Неужели, хоть и коряво, но начинает доходить часть того, о чем Вы пишете в статьях и комментариях? [Ссылка](#).

Сергей говорит:

[12.10.2016 в 19:57](#)

Странно, но информация по предложенной ссылке изменилась, хотя все ссылки на других ресурсах ведут именно на тот линк, например, сайт Института языкознания РАН http://iling-ran.ru/main/news/160928_dybo

Придётся выложить целиком основные положения доклада, которые удалось скопировать ранее.

Новое в языкознании: Научное сообщение «Происхождение и родственные связи языков народов России». Докладчик – член-корреспондент Анна Владимировна Дыбо, Институт языкознания РАН. 26 сентября 2016 года состоялось очередное заседание Президиума Российской академии наук. Члены Президиума заслушали научное сообщение «Происхождение и родственные связи языков народов России».

К настоящему времени насчитывается более 6000 человеческих языков; на территории Евразии их около 1000, на территории России — около 200. Существуют различные способы их классификации: типологические (по сходным структурным особенностям); генеалогические (такие классификации строят генеалогические деревья языков, в которых объединяются в один узел родственные языки). Этим занимается сравнительно-историческое языкознание, оно же — лингвистическая компаративистика.

В докладе вводятся формальное понятие языкового родства и основные положения сравнительно-исторического метода. Излагается современное представление о целях и возможностях сравнительно-исторического изучения языков мира.

Демонстрируются достижения классической компаративистики и данные, полученные в последние 50 лет на основании применения сравнительно-исторического метода к отдаленно родственным языкам.

1. Индоевропейская семья. Местонахождение индоевропейской прародины к настоящему времени спорно, но после получения датировок распада отдельных групп вопрос встает на более материальную почву. Так, судя по реконструируемой для праиндоевропейского лексики природного окружения, степь должна быть исключена из возможных прародин; ландшафт явно указывает на горную местность; кроме того, праиндоевропейское состояние никак не может соотноситься по времени с ямной культурой, поскольку распадается за 1000 лет до ее существования; таким образом, можно отказаться от «курганной гипотезы» М. Гимбутас.

1.1. Славянские языки. Недавно отработанное нами для совместной работы с генетиками балто-славянское древо дает датировку распада славянских языков на две группы — восточнославянские и прочие, около 2-го в. н.э. (что является более ранней датой, чем принятая ранее у глоттохронологов VI-VIII вв.). Во II-III вв. н.э. существовали, действительно, две археологических культуры, атрибулируемых праславянам: Пшеворская и Зарубинецкая. Датировка распада пра-балто-славянского единства падает на 1400-1300 до н.э. (что совпадает с предшествующими глоттохронологическими датировками). Это совпадает со временем формирования Поморской группы памятников Лужицкой археологической культуры — возможно, началом отделения праславянского от группы западно-балтийских диалектов.

1.2. Иранские языки: на территории РФ компактно проживают носители осетинского (северо-восточный иранский) и татского (юго-западный иранский) языков. Иранская группа составляет внутри индоевропейской семьи группу более высокого порядка с индоарийскими и дардскими языками. Вероятно, именно это единство следует связывать со степной

ямной культурой. Не исключено, что именно контакты с праиранцами как носителями более поздней срубной культуры дали значительное количество заимствованной культурной лексики в финно-угорских языках. Распад иранского единства датируется приблизительно 1300 г. до н.э.

2. Алтайская семья языков. Праалтайский язык по предварительным оценкам мог распасться около VI тысячелетия до н.э. Восстанавливаемая лексика природного окружения и фрагменты культурной лексики в целом не противоречат гипотезе связи праалтайского с археологической культурой Яншао (VII-III тыс.л. до н.э.).

2.1. Глоттохронологически датированное генеалогическое древо тюркских языков дает датировку первого распада пратюрков в районе рубежа эры. Эта дата хорошо коррелирует с тем фактом, что реконструируемые для пратюркского состояния слова, представляющие собой китайские заимствования, заимствованы в фонетическом облике, свойственном эпохам Западной и Восточной Хань; более того, цитируемые в ханьских исторических источниках слова из языка сюнну – это главным образом слова тюркского праязыка. Это позволяет отождествить носителей пратюркского языка с какой-то частью народов кочевой империи сюнну, которая как раз в это время выходит на историческую арену. Лексика природного окружения, восстанавливаемая для пратюркского состояния, позволяет связывать прародину тюрков с широкой территорией от монгольского Алтая до Ордоса. Мы находим заимствования из пратюркского языка в лексике, реконструируемой для прасамодийского и праенисейского состояний.

2.2. На территории РФ представлены три языка монгольской группы: калмыцкий, бурятский, хамниганский. Первый распад монгольской группы датируется V – VII вв. н.э. В прамонгольском языке наблюдается значительное количество заимствований из пратюркского, в том числе через тюркский заимствованы древнекитайские слова. О времени и месте распада монгольских языков косвенно говорят следующие факты: а) не обнаруживаются прамонгольских (т.е. встречающихся в дагурском, могольском и кукунорской группе) древне-китаизмов и древне-иранизмов, которые не были бы заимствованы через тюркское посредство; б) имеются заимствования в прамонгольском из среднекитайского без тюркского посредства; в) имеются заимствования в прамонгольском из согдийского через древнетюркский; г) ряд формально прамонгольских тюркизмов (с развитием $t > \check{s}$) отсутствует в дагурском; д) ряд заимствований из (ранне)древнетюркского (с фонетическими приметами общетюркского) не обнаруживается в языках кукунорской группы; другая группа таких заимствований не обнаруживается в дагурском. Специалисты склоняются к признанию прамонголов лесными охотниками, однако восстанавливаемая

терминология войлочного производства все-таки показывает скотоводческий характер прамонгольской культуры.

2.3. Тунгусо-маньчжурская группа. Сейчас большинство исследователей – сторонники приамурской прародины для пра-тунгусо-маньчжурских языков (ср. лексику природного окружения; наличие ПТМ термина для рыбьей кожи и под.).

3. Уральская семья. О контактах и местоположении прауральского пока трудно говорить. Обычно его прародину располагают в Западной Сибири, но приводится новая аргументация в пользу более западной локализации. Имеются данные о контактах двух дочерних групп. Прафинноугорский (распад – III-II тыс. до н.э.) содержит значительное количество заимствований предположительно из праиндоиранского или праязыка какой-то из его дочерних семей; место этих контактов относят обычно к локализации археологической срубной культуры. Прасамодийский (распад близок к рубежу эры) демонстрирует праторюкские и праенисейские контакты.

4. На основании ступенчатой реконструкции и с помощью применения глоттохронологических методик компаративисты продолжают работу по установлению древнего родства языков.

На территории России представлены языки, относящиеся в основном к двум макросемьям Старого Света – ностратической (семьи: индоевропейская, алтайская, уральская) и дене-кавказской (семьи: северокавказская, сино-тибетская, енисейская); кроме того, пока неуверенно аффилируемые группы (эскимосо-алеутская семья – возможно, ностратическая; юкагирская группа – по одной гипотезе ностратическая, близкая к уральским языкам, по другой – палеосибирская; чукотско-камчатская семья, возможно, вместе с нивхским (и юкагирским?) составляющая палеосибирскую макросемью). Многие из языковых групп и семей находятся в статусе исчезающих. Таковы все языки самодийской группы уральской семьи; все языки тунгусо-маньчжурской группы алтайской семьи; все российские языки западно-кавказской группы северокавказской макросемьи; последний сохранившийся язык енисейской семьи – кетский; юкагирская группа языков.

Стираются диалектные различия внутри языков; между тем, диалекты представляют собой естественную среду, подпитывающую литературные языки. Кроме того, диалектное разнообразие предоставляет чрезвычайно ценный материал для историка языка, который может пролить свет на историко-языковые изменения и дать возможность восстановить предковые формы существующих идиомов. Все это делает необходимой работу по фиксации (документации) языков и диалектов с помощью современных средств (интегральное описание;

ср. наши действующие проекты «Полная электронная этимологическая база по тюркским языкам» (Программа фундаментальных исследований Секции языка и литературы ОИФН РАН «Язык и литература в контексте культурной динамики», рук. Шеймович А.В.), «Создание корпусов миноритарных тюркских языков России» (направление 3 «Создание и развитие корпусных ресурсов по языкам народов России» Программы фундаментальных исследований Президиума РАН «Корпусная лингвистика», рук. А.В. Дыбо); «Построение виртуальной лаборатории для надёжного хранения и распределённой обработки данных исчезающих языков» (РФФИ 14-06-00271, рук. А.В. Дыбо), «Разработка анкет для сбора материалов к интегральному описанию миноритарных тюркских языков и диалектов России» (РГНФ № 15-04-00370, рук. А.В. Дыбо), «Информационная система для описания малочисленных языков народов мира. Создание описаний алтайских и уральских языков России, находящихся на грани исчезновения» (РНФ № 15-18-00044, рук. В.М. Алпатов) и ряд других проектов, объединяемых теми же целями.

Работа по документации языков и диалектов России, проводимая в рамках этих проектов, позволяет значительно уточнить внутриязыковую классификацию, понять сложную историю отношений между различными идиомами и их носителями, уточнить историческую реконструкцию языков в связи с историей народов. (Пример: в результате августовской экспедиции по изучению хакасских диалектов нам удалось обнаружить ранее не идентифицировавшийся идиом, который может являться остатком западно-хакасского диалекта, впоследствии стёртого шорской миграцией. Другой след этого диалекта мы обнаруживаем в мигрировавшем на территорию Ганьсу на рубеже 1-го тыс. н.э. сарыг-югурском языке).

4.1. Уже сейчас можно утверждать, что не исключено генетическое родство между макросемьями Евразии, в которые входят языки народов России.

В обсуждении доклада приняли участие: чл.-корр. В.М. Алпатов, д.ф.н. О.А. Мудрак – Институт восточных культур и античности РГГУ, чл.-корр. В.А. Плункгян, ак. В.А. Тишков, ак. Ж.И. Алферов, ак. Г.А. Месяц, ак. В.Е. Фортов, ак. Т.Я. Хабриева, профессор РАН О.П. Балановский – Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, ак. А.А. Кокошин.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[13.10.2016 в 06:18](#)

>> Докладчик – член-корреспондент Анна Владимировна Дыбо, Институт языкознания РАН... Отрицается прародина ИЕ в ямной культуре и Курганная гипотеза! Распад славянских языков удревяняется до II века нашей эры, попытка сопоставления с археологическими культурами и т.д. Неужели, хоть и коряво,

но начинает доходить часть того, о чем Вы пишете в статьях и комментариях?

Как говорится в наших краях – too little, too late. То есть «всего ничего и слишком поздно». Дыбо просто пришла в длинный ряд тех, кто подвергает сомнению «прародину» ИЕ языков в ямной культуре, как и «курганную гипотезу». Давно существуют другие варианты этой «прародины», как анатолийская, балканская, прибалтийская, и их разнообразные комбинации. В.А. Сафронов уже лет тридцать назад насчитал 25 вариантов «прародин» ИЕ языка. Я здесь ставлю слово «прародина» в кавычки, потому что у языка прародин вообще нет, если только не делать резко сужающие по смыслу определения, как, например, «прародина языка там, где язык стал расходиться на ветви». Можно подумать, что он не расходился на ветви в ходе предыдущих тысячелетий и десятков тысяч лет. То же и с курганной культурой – советская, а затем и российская археология ее давно отвергли, так что и здесь Дыбо бежит позади паровоза. Давно пришли к выводу, что курганы не являются специфическим культуро-образующим признаком, и что М. Гимбутас смешала в этой «культуре», которую, кстати, за сорок лет до нее предложил Чайлдс, самые разнообразные признаки.

Да и то, посмотрим, как Дыбо «отрицает» «прародину» ИЕ языков и курганную гипотезу. Как свойственно для Дыбо с ее косноязычностью, она дает несколько малосвязанных фраз (в ее докладе на видео это еще хуже), и делает вывод, который плохо связан с теми фразами. Цитирую: (так и в устном докладе): *«Местонахождение индоевропейской прародины к настоящему времени спорно, но после получения датировок распада отдельных групп вопрос встает на более материальную почву. Так, судя по реконструируемой для праиндоевропейского лексике природного окружения, степь должна быть исключена из возможных прародин; ландшафт явно указывает на горную местность; кроме того, праиндоевропейское состояние никак не может соотноситься по времени с ямной культурой, поскольку распадается за 1000 лет до ее существования; таким образом, можно отказаться от «курганной гипотезы» М. Гимбутас».*

Давайте посмотрим на этот винегрет. Во-первых, Дыбо сама ничего не предлагает, ни здесь, ни далее в докладе. Вяло и бессодержательно критикуя вырванные из контекста положения, она говорит, что «происхождение спорно». Ну раз спорно, проанализируй четко и сжато наиболее известные гипотезы, и дай свой вариант. Но этот путь не для Дыбо. Она не может. Неспособна. Во-вторых, что такое *«после получения датировок распада отдельных групп вопрос встает на более материальную почву»*. Отдельных групп чего?! Групп ИЕ языка? Кто и когда получил датировки их распада, и тем более «отдельных групп»? Какая «материальная почва»? Этими датировками распада занимался Л.С. Клейн, как и многие другие, и результаты были совершенно противоречивы. Никаких новых данных, которые решили бы вопрос и

примирили противоречия, нет, за исключением данных ДНК-генеалогии, которые привязали расхождение ИЕ языка на ветви к субкладу R1a-Z645, который образовался 5500±700 лет назад (датировки по снипам, группа YFull) и 5300±500 лет назад по данным ДНК-генеалогии. Беда Дыбо в том, что она против ДНК-генеалогии, и не только против, а подписала позорное письмо против ДНК-генеалогии.

Идем дальше по трясине Дыбо. Следующее положение (опять же не её) – что «ландшафт» ИЕ языка «явно указывает на горную местность». Это положение не ниспровергал только ленивый (наверное, наиболее обстоятельное изложение [здесь](#)). Лексемы, которые связаны с камнями, и трактуются как указание на «горную местность», вовсе не указывают только на горы, но и, например, на валуны, которыми усеяны территории Европы (и не только Европы) после прохождения ледников. В целом же, вся «горная лексика индоевропейцев» состоит из четырех слов – (1) *p[h]er(k[h]o)u-, (2) *Hk'o(e/o)r-, (3) *k[h]el-, (4) *(o)nt'- *mnot[h], что было расшифровано как «бог грома» (или «молния»), «дубовый лес на горе» (или «на холме»), «горы», «скалы». Первые два – молнии и «дубовый лес на горе/холме» вовсе не говорят о горах высоких, и могут относиться к равнине. В общем, что-то опровергать или подтверждать на таком основании – это опять для уровня Дыбо. Это вовсе не означает, что «степная гипотеза» верна, но такими методами отрицать – это смешно. Наконец, что там соотносится или не соотносится во времени – это тоже не аргумент. Как сообщает Дыбо – *«праиндоевропейское состояние никак не может соотноситься по времени с ямной культурой, поскольку распадается за 1000 лет до ее существования»*. Давайте посмотрим – расхождение («распад») ИЕ на ветви – 5500-5300 лет назад (плюс-минус 500-700 лет), ямная культура – 5200-4300 лет назад, и это в значительной степени условно, никто датировки точно не дает, тем более в археологии, там очень редко используются радиоуглеродные и подобные методы, обычно проводятся просто параллели, аналогии с тем, что также условно определили ранее.

Ну и что имеем от «аргументации» Дыбо? Ничего. Но недоумение легко развеивается тем, что ей надо было просто примкнуть к противникам «курганной гипотезы», время настало, хотя и давно было пора, вот она и вымучила что-то маловразумительное. Но главное – ничего своего так и не привела.

То же самое и с удревнением «распада» славянских языков *«около 2-го в. н.э. ... на две группы – восточнославянские и прочие»*. Какие «прочие» – не указано, но приведены названия двух культур, «атрибуированные» праславянам – пшеворская и зарубинецкая. Когда я увидел слово «атрибуированные», то сначала принял за смешную опечатку, послушал запись доклада, и там все то же – «атрибуированные». В русском языке – атрибутированные. При чем там пшеворская и зарубинецкая культуры

и «распад праславянских языков» – Дыбо не поясняет, если не считать того, что эти культуры отнесены к II-III вв. н.э. Но в те же времена были многие другие культуры, почему, интересно, выбраны эти две? Да и времена показаны не те. Согласно Дыбо, *«во II-III вв н.э. существовали, действительно, две археологические культуры, атрибутированные праславянам: пшеворская и зарубинецкая»*. На самом деле согласно археологической классификации, пшеворская культура существовала во II в до н.э. – IV в н.э., зарубинецкая – в III в до н.э. – II в н.э. Почему же Дыбо упомянула эти культуры только на их завершающей стадии, через 500 лет после их образования? Да просто потому, что надо было притянуть их к II в н.э., когда, по ее заявлению, славянские языки *«распались на две группы – восточнославянские и прочие»*. А эти культуры при чем? Ну, они же были в те времена... Ну, а почему, например, не черняховская культура (II-IV вв н.э.), которая по данным археологов сменяет зарубинецкую? Где связь с расхождением языков? Нет ответа у Дыбо, опять она упоминает, но не предлагает, не обосновывает.

Далее – опять стандартные фразы про «распад балто-славянского единства 1400-1300 лет до н.э.», да еще и привязка к поморской культуре (*«это совпадает со временем формирования поморской группы...»*). Опять ошибка, поморская культура по данным археологов начала свое существование в VI-IV вв до н.э., то есть на тысячелетие позже. Это – гаплогруппа-субклад R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP238 > L365. Вот сколько этапов прошла ДНК-генеалогия поморского субклада L365 (датировка образования по мутациям в гаплотипах 400±250 лет до н.э.). Из нее произошли пшеворская и зарубинецкая культуры, опять же до нашей эры (II-III вв до н.э.). По происхождению – восточнославянские (фатьяновская культура), по региону – современные территории Польши и далее Белоруссия, западная и центральная Украина, западная Россия, то есть либо восточнославянские, либо западнославянские, зависит от того, как определять.

Так на какие же языки – «восточнославянские и прочие» разошлись языки лужицкой и ее дочерней поморской культуры, и далее пшеворской и зарубинской культур, даже если это расхождение было «около II в н.э.»? Не говорит Дыбо, нет у нее ответа. Почему это именно «около II в. н.э.»? Тоже не говорит, тоже ответа нет. В докладе тоже не упоминает. Вместо того возвращается к лужицкой культуре (конец II тыс. до н.э.) и далее поморской культуре (середина I тыс. до н.э.) и говорит – *«возможно, начало отделения праславянского от группы западно-балтийских диалектов»*, относя это к *«времени формирования поморской»* культуры. Но если там, на территории нынешней Германии-Польши, еще в конце II тыс. до н.э. существовала праславянская лужицкая культура (примерно с 3200 лет назад), которая не так давно отошла от праславянской же фатьяновской культуры (4300-3500 лет назад), их разделяют всего 300 лет,

то о каких «западно-балтийских диалектах» речь? На каких языках, по мнению Дыбо, разговаривали в фатьяновской культуре? Да не знает она. Потому что ДНК-генеалогию не изучает. То, что праславянский язык мог эти диалекты приобрести в ходе миграций на западную Балтику, вопросов нет. Но от них «отделиться» – это уже что-то странное.

Подробнее об этом будет в продолжении статьи о арийских миграциях, об их миграциях на запад, и о фантомных «балтийских языках в древности», от которых славянский каким-то сказочным образом «отделился». Статья будет выставлена вот-вот.

Вывод – доклад Дыбо представляет собой набор либо устаревших положений, либо неких фантазий, которые она продолжает повторять. Впрочем, то, что она объявила в начале, что это – результаты совместной работы с «генетиками», многое объясняет, поскольку «генетики» – это в данном случае Балановский. К этому комментарии уже излишни, все понимают, что дает эта «совместная работа». Когда объединяются кривой и глухой, то получается хрестоматийный чукча, который не читатель, а писатель. Да и что можно ожидать от «языковеда», которая с трибуны РАН объявляет, что распад «ностратической семьи (индоевропейская, алтайская, уральская)» произошел «13 тыс до н.э.». 15 тыс. лет назад миграции соответствующих гаплогрупп были уже в полном разгаре, будущие «индоевропейцы» (гаплогруппа R1a) были на подходе к Анатолии, «алтайцы» (видимо, гаплогруппа Q) уже перешли по Берингии в Америку, а «уральская» (видимо, гаплогруппа N1c) уже всю передвигались по Сибири, субклад N1c1 образовался 14 тысяч лет назад. То есть уже тысячелетия они не разговаривали на едином языке, который был разве что только на уровне гаплогруппы K, примерно 45 тысяч лет назад.

И. Рожанский говорит:

[13.10.2016 в 03:59](#)

>> Неужели, хоть и коряво, но начинает доходить часть того, о чем Вы пишете в статьях и комментариях?

Не думаю, что специалисты в языкознании как-либо прислушиваются к мнениям людей, не имеющих ни одной публикации в этой области. К выводу об удревнении расхождения славянских языков естественным образом подводит колоссальная работа, проделанная профессионалами при анализе ранних славянских текстов, в частности, берестяных грамот, а также новые достижения в славянской диалектологии и акцентологии. Из отечественных специалистов это прежде всего заслуга А.А. Зализняка, В.А. Дыбо (отца докладчицы) и С.Л. Николаева. Общая публика, к сожалению, почти ничего не знает об этой стороне их деятельности, потому что основополагающие работы опубликованы в

специализированных журналах и монографиях, и трудны для восприятия неподготовленному читателю. Эти данные физически невозможно совместить с постулируемой датировкой о VI-VII веках, что господствовала в славистике последние 100 лет.

Некоторые из частных выводов, в частности, С.Л. Николаева о существовании архаичного славянского языка в верховьях Дона, начинают подтверждаться по данным ДНК-генеалогии. Собственно, нет ничего плохого в том, что к одним и тем же выводам приходят специалисты из разных дисциплин, не подглядывая в работы друг друга. Так наука и развивается.

Что касается курганной гипотезы, то, насколько могу судить, она никогда не пользовалась популярностью у отечественных специалистов ввиду слишком больших натяжек в трактовках, в отличие от “закодированных” трудами М. Гимбутас археологов из англоговорящих стран. Поскольку последние являются научными консультантами широкоэвентельных каналов (Discovery, National Geographic, History Channel, и т.д.), то у большинства не слишком знакомых с предметом людей создается впечатление, что альтернативы курганной гипотезе не существует. Увы, теперь не только наука влияет на масс-медиа, но и масс-медиа все больше и больше влияют на науку.

Кстати, по ссылке открывается отчет о другом заседании Президиума РАН, от 11 октября. Попытки отыскать заметку от 26 сентября на портале РАН успехом не увенчались – ее как будто не существует. Такой вот занятный “глюк”.

Сергей говорит:

[13.10.2016 в 19:15](#)

>> Не думаю, что специалисты в языковедении как-либо прислушиваются к мнениям людей, не имеющих ни одной публикации в этой области.

Зато есть публикации по миграциям людей во временной динамике, и на той глубине, где берестяные грамоты не помогут, игнорировать эти данные глупо, люди не безмолвные существа и мигрируют не молча, люди образуют союзы, вступают в контакты, переходят на языки друг друга, которые, в свою очередь, изменяются. При том, что у языков свои законы развития, данные о миграциях их носителей представляются куда надёжнее чем построения лингвистов в бесписьменный период, в ДНК-генеалогии, во всяком случае, они (данные) не иллюзорны, если пришли люди, то следует ожидать каких-то изменений и в языке. Если обратили внимание, я дал еще в заглавном к этой теме комментарии указание на участие Балановского в обсуждении, дал не просто так, хотя там не только он принял участие, а потому что на его работах она строит

свои выводы, а уже его порочная практика его самого вторить и следовать мнению лингвистов замечательно разобрана и оценена в статье А.А. Клёсова о “Родине слонов”.

Понимаю, Вы не видели текст доклада, поскольку по ссылке информация странным образом удалена, хотя на сайте у Дыбо до сих пор указан именно тот линк, и также Вы не видели скопированный и выложенный мной здесь текст когда направили свой комментарий, поскольку он еще не был опубликован, но теперь можно убедиться, чем руководствовалась сама Дыбо:

“1.1. Славянские языки. Недавно отработанное нами для совместной работы с генетиками балто-славянское древо дает датировку распада славянских языков на две группы – восточнославянские и прочие, около 2-го в. н.э. (что является более ранней датой, чем принятая ранее у глоттохронологов VI-VIII вв.)”.

Так в чем проявился профессионализм “специалистов в языкознании”, имеющих публикации по теме?

Геннадий говорит:

[24.10.2016 в 20:00](#)

Сергец, В.А. Дыбо, Г.И. Замятина, С.Л. Николаев в работе [“Основы славянской акцентологии”](#) ещё в 1990 году показали, что голядь не балтоязычное племя, а меря – не финноязычное:

“4-я акцентологическая группа на великорусской территории занимает компактный и достаточно четко очерченный ареал к востоку от Москвы, располагаясь в основном на территории Волго-Клязьминского междуречья, традиционно считающейся мерянской, на которой расположены основные находки особого типа височных колец, не соотносимых ни с одним известным восточнославянским племенем (см. Седов 1982. С. 185-196). Говоры этой группы, наряду с акцентологическими особенностями, характеризуются также восстановлением суффиксального *б в глаголах типа кричать, дышать: duSet', cbiSet, kr'iCet', kr'iCet (при том, что итеративы на -а- сохраняют -а-: konC'at', m'eSat'). Далее на западе эта морфологическая черта присутствует: а) в верховьях Днепра и Угры (наиболее компактно на территории мощинской культуры); б) в Белоруссии это явление локализуется в полосе говоров, тянущихся через всю территорию с Востока на Запад; в) в польских (в первую очередь мазовецких) и в некоторых северноморавских говорах. Как в верхнеднепровских и верхнеокских, так и в среднебелорусских обнаруживаются следы акцентуации по 4-му типу. В русской исторической традиции не известны славянские племенные образования, которые можно связать с этой диалектной группой. Более того, племенные образования,

зафиксированные на данной территории, относятся историками и лингвистами к неславянским этносам, равно как и археологические культуры: так, голядь считается западнобалтским племенем, а меря – поволжско-финским. Мощинская культура и её продолжения считаются голядской (западнобалтийской) культурой, а особые (браслетообразные незавязанные) височные кольца Волго-Клязьминского междуречья рассматриваются как атрибут мерянской культуры, хотя их находки выходят далеко за пределы мерянского ареала и характерны для большей части территории, на которой расположены восточнославянские диалекты 4-й группы.

Между тем, диалекты этой группы, ввиду сугубой архаичности их акцентной системы, не могут быть объяснены как результат вторичного развития какой-либо из известных акцентологических систем, а должны рассматриваться, вероятно, как наиболее раннее ответвление от праславянского; этнос, носитель этого диалекта, представляет, по-видимому, наиболее ранний восточный колонизационный поток славян. Вышесказанное, по-видимому, ставит под сомнение принятую в науке атрибуцию голяди и мерян. Находимые на данных территориях балтские и финские топонимы могут восходить к более ранним насельникам данных ареалов или к языку населения сопредельных территорий. Обращает на себя внимание, что однозначная атрибуция археологами мощинской, а также колочинской и тушемльско-банцеровской культур как балтских в основном опирается на данные топонимики, а рассмотрение браслетообразных незавязанных колец как принадлежности поволжско-финской (мерянской) культуры базируется лишь на убежденности в финском характере населения основной части Волго-Клязьминского междуречья и противоречит тому факту, что финским племенам вообще были несвойственны височные кольца (они являются принадлежностью исключительно славянских племён), а в русских диалектах данной территории практически отсутствуют финно-угорские лексические заимствования”.

А Игорь Львович Рожанский в прошлом году [в комментарии к статье Л. Грот “Русь и чудь в древнерусской истории \(часть первая\)”](#) указал “на ветвь субклада Z280, что характеризуется снипом YP578”, которая “неплохо маркирует ту группу «славяноязычной мери», о существовании которой сделал вывод С. Николаев, руководствуясь лингвистическими критериями”.

Сергец говорит:

[25.10.2016 в 04:01](#)

Геннадий, думаю это немаловажное дополнение уместнее было поместить ниже, где обсуждалось, почему родная дочь А.Дыбо не ссылается на родного папу В.Дыбо. И задаться вопросом, где же и

почему такая важная информация до этого пряталась, или как минимум широко не афишировалась. А здесь я указал, что никакого профессионализма А. Дыбо не проявила, а лишь вторила Балановскому, который вторил ей. Поэтому актуальность моего комментария сохраняется.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[28.10.2016 в 05:18](#)

>> В.А. Дыбо, Г.И. Замятина, С.Л. Николаев в работе "Основы славянской акцентологии" ещё в 1990 году показали, что голядь не балтоязычное племя, а мера – не финноязычное.

Уважаемый Геннадий, спасибо за информативный комментарий. Приведенная выдержка из работы рассчитана на специалистов, но у нее есть и ценность другого рода – она показывает, насколько натянутыми бывают (и часто бывают, надо сказать) «мнения» в лингвистике, которые затем «бронзовеют», и создают искаженную картину истории Русской равнины, как в описанном случае. Уж сколько твердят, что мера – якобы угро-финны, а еще четверть века назад крупные ученые приводили данные, что это не так. Но занятно, что те, кто твердят, делают вид, что таких исследований не было, их просто не упоминают. «Балтские и финские топонимы» оказываются архаичными славянскими. Но это же то, что сейчас показывает ДНК-генеалогия, причем в более определенном варианте, что «балты» и «финны» в большинстве случаев (если не всегда, за исключением прибалтийских территорий, причем не ранее конца прошлой эры – начала нашей эры) оказываются выдумкой, а насельники Поволжья были вовсе не «финны», у них совершенно другие субклады (гаплогруппы N1c1) и гаплотипы, чем у финнов. Финны – это вообще относительно недавнее образование, начала-середины I тыс. н.э., и довольно ограниченно локализованное.

То же самое и чудь – кто-то придумал, что это были «финно-угры», и что они были предками эстонцев – так и поехало. Начинаешь смотреть первоисточники – ничего подобного в них нет. Ни финно-угров, ни эстонцев, что касается чуди. Всё придумано.

Вот и упомянутые авторы пишут – «Обращает на себя внимание, что однозначная атрибуция археологами... культур как балтских в основном опирается на данные топонимики, а рассмотрение... базируется лишь на убежденности в финском характере населения основной части Волго-Клязьминского междуречья и противоречит тому факту, что финским племенам вообще были несвойственны височные кольца (они являются принадлежностью исключительно славянских племён), а в русских диалектах данной территории практически отсутствуют финно-угорские лексические заимствования».

Хороший аргумент – «базируется лишь на убежденности», не так ли?

Ксения говорит:

[14.10.2016 в 01:14](#)

Николаев/Дыбо (отец) на основе акцентологии определяют 4-ю акцентную группу праславянского и размещают ее как раз таки в ареале: мери/голяди/ тушемлинской культуры/мощинцев. Еще в начале 90х они ставили вопрос (требовали) о пересмотре фино-угорской и балтской атрибуции перечисленных племен/культур. Но воз и ныне там, не считая последней работы Седова по древнерусскому языку. Николаев/Дыбо дают осторожную дату формирования 4й акцентной группы в регионе мери/голяди – 3-4й вв, т.е. тогда уже праславяне наличествуют в волго-клязьминском междуречье. Странно, что Дыбодочь вспомнила всё это только сейчас. А 2й век у нее – как бы предшествующая дата указанной ее отцом и Николаевым, хотя понятно, что и 3-4 вв. есть осторожное утверждение, потому как 4я группа самая архаичная, а праславянская акцентная система = акцентной системе праИЕ. Такой вот парадокс)))

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[15.10.2016 в 07:21](#)

>> *К выводу об удревнении расхождения славянских языков естественным образом подводит колоссальная работа, проделанная профессионалами при анализе ранних славянских текстов, в частности, берестяных грамот, а также новые достижения в славянской диалектологии и акцентологии... Эти данные физически невозможно совместить с постулируемой датировкой о VI-VII веках, что господствовала в славистике последние 100 лет.*

Никак не могу комментировать научную сторону работ лингвистов, но фраза «естественным образом подводит колоссальная работа» не указывает, кого именно подводит. Самих лингвистов? Наблюдателей со стороны? Составителей статьи «Славянские языки» в Википедии? А ведь этими составителями были лингвисты, на что ясно указывает стиль статьи и характер лингвистического изложения. Тем не менее, статья сообщает о том, что время разделения славянских языков – XII-XIII вв. н.э. Ссылок на Зализняка, или Николаева, или В. Дыбо в той статье в Википедии нет. Та же статья напоминает, что по данным Грея и Аткинсона «славянское языковое единство» распалось «1300 лет назад, то есть около VIII века нашей эры». Так что вопрос, кого «естественным образом подводит работа, проделанная профессионалами», остается открытым. Но возникают другие вопросы, и много. Если Грей и Аткинсон ошиблись в датировке расхождения славянских языков, причем ошиблись намного, то как мы

должны относиться к их датировкам расхождения «балто-славянских языков»? Да и вообще к датировкам в лингвистике?

Читая изложение взглядов лингвистов на динамику развития языков, невозможно не заметить бросающуюся в глаза уклончивость и беспомощность их описаний. Естественно, еще недавно их нельзя было упрекнуть – что делать, языки – дело сложное, очень много мешающих факторов... Но уже несколько лет существует ДНК-генеалогия, которая дает новую координату в исследованиях, и координату сильную, позволяющую проследивать миграции людей, которые, естественно, мигрировали вместе с языками. И что делают лингвисты? Либо делают вид, что не замечают, либо агрессивно отрицают и нападают. Та же А. Дыбо подписала позорное письмо против ДНК-генеалогии, как и лингвист Касьян, хотя лингвист он небольшого размера, внимания можно и не обращать. И когда читаешь положения лингвистов о славянских языках, держа в уме положения ДНК-генеалогии, то выстраивается значительно более четкая и определенная картина динамики славянских языков. Понятно, что нет гарантий, что она во всем правильная, но она дает «дорожную карту», которую можно править, корректировать, приходиться к более обоснованному описанию, причем делать это совместно с лингвистами.

И вот что примерно складывается. Совершенно логично положить в основу древних праславянских языков фатьяновскую культуру (4300-3500 лет назад). Поскольку она вышла из культуры шнуровой керамики (5200-4300 лет назад), то опять встает сакраментальный вопрос – где талию будем делать? Если найдутся лингвистические аргументы (что вряд ли), то можно передвинуть основу древних, праславянских языков и в КШК, но тогда это окажутся уже арийские языки. Поэтому то, что принимают за относительную близость славянских языков к санскриту, на самом деле это прямая преемственность славянских языков к арийским языкам фатьяновской культуры. Санскрит – это уже боковая ветвь по отношению к славянским языкам, близость вторичная.

Далее, то, что А.Б. Долгопольский, признанный авторитет в российской лингвистике, сообщает, что западнославянская и южнославянская подгруппы являются просто принятыми по договоренности среди лингвистов, «конвенционально», а на самом деле пра-западнославянского и пра-южнославянского языков не было (А. Dolgopolsky. More about the Indo-European Homeland problem. *Mediterranean Language Review*. 1990-1993, том 6-7, стр. 232), тоже легко объясняется в рамках ДНК-генеалогии. Фатьяновская культура – это пра-восточнославянские языки, в которых Долгопольский не сомневается. Так вот, миграция носителей пра-восточнославянской фатьяновской культуры (наиболее вероятно R1a-Z280) на северо-запад и юго-запад и привела к переносу туда тех же восточнославянских языков,

разумеется, в их диалектной динамике, а их носители получили дальнейшие нисходящие субклады от Z280. Действительно, современные потомки поморской культуры (начало в IV в до н.э.) имеют цепочку снипов R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402 > YP237 > YP235 > YP234 > YP238 > L365, причем последний субклад, L365, и образовался в середине I тыс до н.э. На Адриатике и Балканах (хорваты, сербы, итальянцы) имеют северо-евразийские, карпатские и балтийские ветви гаплогруппы R1a, со снипами R1a-Z280 > Z92, R1a-Z280 > CTS1211 > Y35 > CTS3402, R1a-Z280 > CTS1211 > CTS3402 > CTS8816 > Y2902, R1a-Z280 > CTS1211 > CTS3402 > CTS8816 > L1280. Вот это и есть маркировки миграций носителей фатьяновской культуры в II-I тыс до н.э. В итоге современные славянские языки на западе и на юге получили «по договоренности» названия западно- и южно-славянских, а их соответствующих «пра» действительно не было, это были производные пра-восточнославянских языков фатьяновской культуры.

Лужицкая культура (образовалась в конце II тыс. до н.э., примерно 3200 лет назад), и которая тоже предположительно R1a-Z280 – на каком языке говорила? Лингвисты не ответят, они не знают. А это – определенно переходный вариант между поздне-арийским языком фатьяновской культуры и ранне-славянскими языками Прибалтики. Никаких «балтских» языков там не было, это были раннеславянские языки. И говорить, что «славянский язык отделился от балтских» – это не понимать древнюю историю праславян. Доходит до смешного – лингвисты помещают в Википедию пересказ статьи Chang и др. «Ancestry-constrained phylogenetic analysis supports the Indo-European steppe hypothesis» (2015), и пишут – *«славянские же языки, по результатам их исследования, начали расходиться за 1240 лет до настоящего времени, то есть в 710 году н.э.»*. Критических замечаний нет. Дату приняли. Не сказали, что эти исследователи еще бы день и час указали. Надо же – славянские языки начали расходиться в 710 году н.э. (!). Видимо, по команде «подъем!».

Поэтому можно много говорить о том, что проведена «колоссальная работа», но не объем работы является мерилем научного вклада, а то, что входит в научные информационные потоки. Входит, как мы видим, противоречивым конгломератом, или вообще не входит, если судить по тому, что лингвисты пишут в Википедии, и что они там обсуждают. А Зализняк и иже с ними бросают силы на борьбу с «народной этимологией», как будто это она мешает науке. М.Н. Задорнову присуждают титул «лингвофрика», как будто это он мешает науке (!). А сами лингвисты напоминают образ, созданный М.М. Жванецким, что, мол, «в случае чего я буду ходить сзади, объяснять, что мало платят, что никто не хочет за утюгом стоять...».

И. Рожанский говорит:

[15.10.2016 в 13:21](#)

>> *Ссылка на Зализняка, или Николаева, или В. Дыбо в той статье в Википедии нет.*

В комментарии выше Ксения уже дала краткий, но исчерпывающий ответ на этот вопрос. Если родная дочь одного из основоположников славянской акцентологии не считает нужным сослаться на эти фундаментальные работы, то что уж говорить про анонимных авторов Википедии, которые руководствуются, как правило, вторичными источниками, а их выбор порой непредсказуем. Однако, как известно, незнание закона (в данном случае лингвистического) не освобождает от ответственности, и отсутствие ссылок не означает, что их можно игнорировать. Ситуация здесь абсолютно та же самая, что мы имеем с обработкой геномных данных при полном игнорировании Y-хромосомных.

Как мне лично представляется, это происходит из-за того, что акцентология – это своего рода “высший пилотаж” сравнительной лингвистики, где очень многое “замешано” на математике. Там нет возможности скрыть свою некомпетентность ссылками на авторитеты (“а вот академик NN считает, что $2 \times 2 = 5$ ”), а потому комфортней сделать вид, что либо такой дисциплины не существует, либо там все настолько абстрактно, что она не годится для практических целей. На самом деле это не так. Пример того, как открытие, сделанное С.Л. Николаевым в начале 1990-х, получило поддержку от ДНК-генеалогии, можно найти в завершающей части интерпретации [KLIN ID00043](#), опубликованной на сайте Академии ДНК-генеалогии. Законы акцентологии не оставляют также камня на камне от традиционной этимологии этнонима “немцы” (от прилагательного “немой”), что подтверждается перекрестными данными из разных дисциплин. Подробности – [по этой ссылке](#). В-общем, имеем иллюстрацию поговорки “если гора не идет к Магомету, то Магомет идет к горе”. Пусть каждый сам решает, кто есть кто в этой ситуации.

>> *по данным Грея и Аткинсона «славянское языковое единство» распалось «1300 лет назад, то есть около VIII века нашей эры»...*

В свое время я не поленился и постарался разобраться, как работает чудо-алгоритм, что выдает такие красивые деревья языков с внешне очень убедительными датировками. Опуская математические подробности, суть его состоит в том, что для каждого слова в анализируемом списке задается некоторая скорость замещения, которая для одной пары языков, к примеру, точно вписывается в датировку их расхождения, а для другой заметно ей противоречит. Далее, берется большой блок этих скоростей, большой блок языков, и весь этот массив оптимизируется методом самосогласования, давая на выходе искомые

деревья, датировки, погрешности и вероятности. Точно такие же расчетные алгоритмы используются в квантово-механических расчетах молекул, о которых имею более-менее связанное представление в силу своей профессиональной подготовки (молекулярная спектроскопия). Вместо деревьев там на выходе получают энергетические уровни, интенсивности спектральных линий и т.п., но принцип остается тем же самым.

Так вот, даже самые сложные и изощренные методы расчета не могут обойтись без калибровки по экспериментальным, физически измеряемым данным реальных молекул. Без нее в лучшем случае, теоретические расчеты дадут систематический сдвиг относительно реальной системы, в худшем могут все перевернуть. Потому в одних алгоритмах такие калибровки вводятся явно в качестве эмпирических поправок, в других учитываются неявным образом, о чем рядовые пользователи таких программ вряд ли догадываются. Смотрим теперь, как калибровали свои расчеты Грей и Аткинсон, и с удивлением узнаем, что единственной реальной внешней калибровкой на весь этот массив языков была дата распада Римской Империи, от которой отсчитывали возникновение романской группы. Всё. Остальные 12 параметров, заявленных в методической части, даются с такими большими допусками (например, не позже нашей эры), что реального смысла не несут. С тем же успехом можно обойтись вовсе без них. Едва ли это сделали от хорошей жизни. Скорее всего, при более жестких ограничениях программа не давала никакого решения или оно было явно абсурдным, что довольно часто случается в подобных задачах.

Возвращаемся к теоретически рассчитанным спектрам. В ходе расчета, если все прошло без осложнений, внутренние параметры модели дадут прекрасное согласование, выдадут высокие вероятности и узкие коридоры погрешностей. Однако модель, не отлаженная ранее на большом количестве экспериментальных спектров, может дать как близкие к реальности результаты, так и совершенно ложную картину. При отсутствии внешнего критерия нет возможности их различить. Поскольку в методе Грея и Аткинсона был задействован всего один (!) внешний критерий, то никакие умные слова из арсенала математической статистики, равно как и ссылки на авторитеты, не несут большого смысла. В том состоянии, как это было опубликовано в Nature 13 лет назад, модель больше всего напоминает стоящие часы, которые 2 раза в день показывают точное время.

Надеюсь, что не слишком утомил читателей специальной терминологией, но рано или поздно надо было высказаться по поводу постоянных ссылок на датировки из этой работы, что порой считают чуть ли первичными данными. Удивительно, что пока ни один из

многочисленных критиков не обратил внимания на этот принципиальный дефект, а ограничивался придирками по мелочам.

Ксения говорит:

[16.10.2016 в 00:37](#)

>> Пример того, как открытие, сделанное С.Л. Николаевым в начале 1990-х, получило поддержку от ДНК-генеалогии, можно найти в завершающей части интерпретации KLIN ID00043, опубликованной на сайте...

Мало того – в этом же районе О.Н. Трубачев фиксирует особую (не имеющую аналогов) группу праславянских гидронимов и учитывая некоторые данные по славяно-осетинской фонетике, которые говорят о существовании в регионе Подонья/Приазовья языкового союза, опять же хронология формирования этой группы гидронимов уходит как минимум в эпоху Геродота. Можно добавить сюда же и южно-русское фрикативное “г”, как параллель восточно-иранскому = авестийскому, суффикс -ак (зн-ак и др.), что снова сдвигает датировки в геродотовы времена (осторожные даты, а скорее еще раньше). Ну и остается добавить о гипотезе происхождения этнонима Русь из того же региона. Упёртые “норманисты” в упор ничего этого не видят – причины такой внезапной слепоты понятны. В связи с вышеперечисленным возникает вопрос – насколько донские казаки связаны с тем, древним населением по г/группам и субкладам? Наверное, должны быть некоторые особенности – ведь речные названия кто-то же должен был передавать из поколения в поколение.

И. Рожанский говорит:

[16.10.2016 в 10:29](#)

>> насколько донские казаки связаны с тем, древним населением по г/группам и субкладам? Наверное, должны быть некоторые особенности – ведь речные названия кто-то же должен был передавать из поколения в поколение.

Пока по донским казакам слишком мало данных, чтобы обнаружить какие-то специфические для них линии. Полагаю, что на больших выборках они могут проявиться. Сужу по тому, что среди уроженцев Восточной Украины встречаются участники из нетипичных для славян гаплогрупп и ветвей R1a-Z2124, R1b-M73, I2c, J2a-L25, C2, J1-M58, O2-M117. Очевидно, это след народов, некогда проходивших через причерноморские степи. Если мы их находим, пусть и в единичных количествах, то должны найти и потомков тех, кто жил раньше, и существенно дольше, чем кочевые народы, не особенно там задерживавшиеся. Проблема в другом – как их распознать на общем фоне.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[16.10.2016 в 11:27](#)

Если честно, то комментарии выше – авторами, которые, безусловно, разбираются в данных вопросах, создают весьма печальную картину в современной лингвистике. Или, точнее, не в лингвистике как таковой, а в том «контингенте» ремесленников, которые сейчас этой наукой занимаются. Все эти А. Дыбо, Касьяны и прочие... Можно, конечно, сетовать, что «родная дочь не считает нужным сослаться», но это частности, ситуация у современных лингвистов, или кто себя так называет, намного более трагичная. Читая бесконечную борьбу между «лингвистами», которые друг друга в грош не ставят, становится ясно, что от науки они на самом деле бесконечно далеки. «Наука» у них исключительно авторитарная, в том смысле, что определяющие аргументы не научные, а те, которые продиктовал авторитет. Поэтому и отнесения идут не к исходным научным положениям, а к именам – постоянно подчеркивается, кто что сказал, и это принимается как решающий аргумент. Для сравнения – в естественных науках в дискуссиях можно вообще обойтись без имен, обсуждаются экспериментальные факты и выводы, но в лингвистике, как часто и в исторических науках, постоянно мелькают имена. Чье имя более значимо, те взгляды в дамках.

Но как только переходишь к исходным фактам, то те факты обычно не обнаруживаются, мы опять упираемся в имена. Гимбутас сказала то-то, Антони сказал то-то, Мэлори сказал то-то. А то, что сказал Рыбаков, мы не принимаем, потому что он славянофил. А это плохо, потому что закрывает путь к получению грантов. Норманнизм – хорошо, гранты обеспечены. А раскатывание норманнизма в пыль – плохо, грантов не будет. Вот такой примитивный подход. Науки в нем просто нет.

Определяющий признак – свой-чужой. И понятно, почему, других критериев нет. Я недавно в очередной раз столкнулся с подобным подходом. Еще пару недель назад не имел понятия, что на свете есть доктор исторических наук Илья Палагута, профессор Санкт-Петербургского Гуманитарного университета профсоюзов. Занятно, но, видимо, бывает и такое. Он выставил в базу данных свою статью об орнаментах Трипольской культуры. Статья совершенно бесцветная, никакой новизны, никакой загадки не решил, никакого орнамента не расшифровал, совершенно ничего нового, но при этом, так сказать, обгадил буквально всех, кто этим занимался за последние сто с лишним лет. В смысле, что они интерпретировали трипольские знаки неправильно. Как «правильно» – у него ни слова нет. Главная «мысль» Палагуты в том, что по отдельности знаки расшифровывать нельзя, надо – в совокупности. Но как, что это дает, ответа нет ни в одном случае. По его «мысли», древний мастер поднимался выше отдельных знаков, он

мыслил глобально, концептуально. Видимо, ему мастер сам сказал, как тот мастер мыслил. Но, повторяю, статья завершается впустую, без решения хоть бы какого символа или орнамента, только призывом, что надо работать дальше. Но все остальные работают не так. Замечательно.

Но поскольку все-таки Триполье, я кликнул на download. Тут же автомат задает запрограммированный вопрос – чем вас статья заинтересовала, чтобы сообщить автору? А то, мол, скачивать нельзя. Я отвечаю одним словом, что, мол, Триполье, интересно. Скачал. Через десять минут приходит ответ от автора, того самого И. Палагута – статьи не касайтесь, не упоминайте, с вами дела иметь не хочу. Я заинтересовался, отвечаю – пошто, мол, такая истерика, в науке принято приводить аргументы, а не поднимать крик на пустом месте. Он тут же отвечает, что ответит на сайте «Генофонд» и «Антропогенез». Я ему встречно отвечаю, что если он не хочет позориться, и демонстрировать свою безграмотность, то советую его выступление сначала прислать мне, я обращу внимание на его ошибки, дам ему возможность исправить, и тогда пусть публикует. Правда, пишу, сдается мне, что после этого ему придется снимать всё. Но дело его. Но поскольку я ни «Генофонд», ни «Антропогенез» не читаю по причине их крайне низкого научного уровня, то дискуссии там между нами не получится. Пусть он выберет более научное издание.

Прошло две недели, от Палагута ни слуху, ни духу. Но меня заинтересовало, как доктор наук может публиковать столь пустые статьи, да еще впадать в истерику в отношении тех, кто их пытается прочитать. Феномен занятный. Посмотрел еще несколько его статей, и ларчик открылся. Более того, узнал, что у него в 2007 году вышла книга объемом в 180 страниц в Англии, но оказалось, что все его статьи и книги (последняя вышла в этом, 2016 году, на Украине), это банальный ресайклинг, по-русски говоря, повторение одного и того же и переливание из пустого в порожнее. Ресайклинг – это макулатура, иначе говоря. Чтобы проверить свои наблюдения, посмотрел цитирование его «трудов». Его книга на английском языке, выпущенная 9 лет назад, процитирована с тех пор 5 раз, все 5 ссылок – сам Палагута. Иначе говоря, она совершенно никого не интересует. Причины я уже обрисовал. Мне не очень удобно сравнивать себя с автором такого уровня, но для справки – моя книга, вышедшая в том же 2007 году, насчитывает 333 ссылки, и каждый в этом может убедиться, пройдя по Google Scholar. Понимаю, что могут быть причины, почему книга, изданная в Англии, полностью игнорируется научным сообществом, хотя Триполье – это активная тема, но тогда надо сидеть тихо и не истерить. Просто знать свое место, например, на коврике у двери.

В целом же, цитируемость (по Хиршу) Палагута в русскоязычной профессиональной (и вообще любой) литературе равна 4, и почти все ссылки – его собственные, а в англоязычной литературе разна 3, и опять,

почти все ссылки его собственные, самоцитирование. Это – уровень небольшого аспиранта, но никак не профессора, доктора наук. Про цитируемость А. Дыбо я уже писал ранее, она равна 3. Причем первая статья по цитируемости (из этих трех) – статья в соавторстве с С.А. Старостиним. А на остальные две статьи цитируемости практически нет, потому и индекс такой. И это – член-корреспондент РАН (!). Ну что, не трагедия РАН? А ведь индекс цитируемости по определению показывает уровень вхождения в научные информационные потоки, и взаимный отклик этих потоков. И вот эти люди называют себя «учеными», получают гранты, подписывают позорные коллективные письма. Ну, какой еще вывод можно сделать? Деградация, только и всего. Отторжение научными потоками.

(Продолжение «Прямой линии» следует)

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 91

Анатолий А. Клёсов
Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

www.anatole-klyosov.com

ПИСЬМО 322

Недавно с двоюродным братом по материнской линии обсуждали Вашу статью «Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян: семь племён?» (http://anatole-klyosov.com/2_3_2009.pdf)

Поводом стало то, что базовый 17-маркерный гаплотип северных славян полностью совпадает с 17-маркерным гаплотипом моего двоюродного брата. Для проведения анализа пришлось свести в одну табличку все доступные из открытых источников 663 гаплотипа Европейской равнины из группы N1a в 17-маркерном формате, приведённом в Вашей статье.

Мы согласились в том, что *уникальное* совпадение этих гаплотипов объясняется статистикой, некоей закономерностью наподобие закона больших чисел. Другими словами, если бы можно было увеличить «базовый гаплотип северных славян» до 26 стир-маркеров (как у брата), то с большой долей вероятности появились бы и расхождения или мутации.

Сложнее оказался второй вопрос. А именно, к какому из семи базовых племён северных славян, описанных в статье, можно было бы отнести его гаплотип?

В процессе ознакомления с источниками (базы данных FTDNA, IRAKAZ, Semargle, интерпретации гаплотипов двоюродных братьев) обратил внимание на то, что практически все гаплотипы группы N1a комбинируются в семь субкладов по снип-мутациям.

Снип-мутация	ТМРСА	632 гаплогруппа	100%
Y4338	2700	18	3%
L1025	2700	341	54%
L550	2900	23	4%
VL29	3700	44	7%
Z1936	4400	60	9%
L708 / Y9022	7500 / 4000	105	17%
R43	5000 лет назад	41	6%

Данные вполне укладываются в Вашу концепцию о том, что начиная с середины 1 тыс. до н.э., на территорию севера Русской равнины начинают миграцию племена гаплогруппы N1a. Известные ТМРСА субкладов таблицы дают основание считать, что после начала миграции, в разные периоды времени, по разным причинам, Восточно-Европейская равнина заселялась племенами и людьми, имевшими указанные родовые метки.

Попытка анализа гаплогрупп закончилась неудачей. Возможно причина в том, что нам недоступны те 76 гаплогрупп, которые исследовал Лютц Роуэр, нет информации о типированных снип-маркерах. Но скорее в том, что у меня отсутствует программа построения деревьев гаплогрупп и умение с ней работать.

Другими словами, интереснейший вопрос об идентификации одного из семи гипотетических «угро-финских славянских племён» относительно гаплогрупп брата остаётся открытым, к нашему сожалению. Не говоря уже о привязке гаплогрупп к одному из племенных союзов Русского Севера, известных по летописным сведениям.

Позволю себе сделать один комментарий к выводам Вашей статьи (с. 388). Вы рассчитали возраст первопредка шестой ветки/племени - 750 лет назад. Это XIII век. Время, когда летописные союзы племён канули в лету, период раннего феодализма, территориальных общин, большого количества удельных княжеств на территории древней Руси. Но все-таки данный человек, будучи сам того не зная «везунчиком», оставившим большое количество современных нам потомков, всё же не мог быть патриархом какого-либо племени.

Обращаюсь к Вам с просьбой найти немного времени и прокомментировать наши наблюдения. Для нас очень важно и интересно узнать Ваше мнение. В приложении прикреплена таблица с гаплогруппами и таблица FTDNA по северным русским.

г. Тюмень

МОЙ ОТВЕТ:

То, что Вы пытаетесь понять систему отнесений современных и древних гаплотипов – это хорошо, но тогда Вы должны понимать, что Вы далеко не все включаете в рассмотрение. Многого Вы просто не знаете, и тоже понятно почему – надо буквально ежедневно с этим работать, и упражняться на десятках и сотнях гаплотипов разных гаплогрупп. Например, Вы определенно не знаете, что GATA H4 используется в двух разных номенклатурах, в одной числа на единицу выше другой. Далее, Вы распределили гаплотипы N1a1 по семи субкладам, а там их намного больше. Например, Вы упустили «карельский» субклад L1022, к которому относятся многие российские носители гаплогруппы N1a1. Наконец, моя статья 2009 года была написана тогда, когда большинство субкладов гаплогруппы N1a1 не были известны, и сейчас она представляет скорее исторический интерес. Гаплотипы, естественно, остались, но их отнесения к разным снипам требуют ревизии. Впрочем, на те вопросы, давностью 2009 года, статья ответила. Но с тех пор многое стало яснее, и значительно более протяженными стали гаплотипы, до 111-маркерных.

Если Вы действительно хотите больше понять о конкретном гаплотипе, закажите персональную интерпретацию в Академии ДНК-генеалогии. У меня просто нет возможности проводить такие интерпретации частным образом, слишком много желающих. Если хотите напрямую определить снип, то этим занимается FTDNA, и скоро, возможно, расширит свои возможности московская Лаборатория ДНК-генеалогии.

Желаю Вам удачи,

ПИСЬМО 323

Вопрос в связи с Вашими статьями на Переформате. Я нигде не нашел обоснования метода определения предкового гаплотипа. Похоже, Вы считаете, что если у большинства в серии гаплотипов в определенном маркере значение аллели 13, то и в предковом гаплотипе должно быть 13, и так по каждому маркеру. Похоже, это принимается как данность, но насколько это обосновано? Возникает следующая аналогия. Предположим, у большинства (скажем 70%) потомков какого-то предка карие глаза, у 20% голубые и у 10% серые. Означает ли это автоматически, что у предка тоже были карие глаза? Совершенно не обязательно. Могли быть и голубые, и серые, и даже зеленые, которых нет ни у кого из потомков.

Возьмем пример из статьи:

«Взглянем на серию из 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21. Число аллелей в маркере DYS393:

11 – 2 (то есть аллель 11 встречается в 3466 гаплотипах всего два раза)
12 – 81
13 – 3237
14 – 145
15 – 1

Считая, что все мутации одношаговые, получаем 232 мутации на 3466 аллелей – от базового значения аллели, равного 13».

Разве нельзя представить следующую ситуацию: у предка значение аллели 11, у части его потомков 12, в другой ветви потомков (наиболее расплодившейся) 13 и т.д.?

Или ситуацию, при которой у предка значение 12, 14 или даже 10 (значение, которого нет ни у кого потомков - по аналогии с зелеными глазами)?

По-моему, если постоянно происходят мутации, то предковый гаплотип вообще не должен сохраниться ни у кого из потомков. Все современные гаплотипы должны быть мутированными по сравнению с предковым гаплотипом и нет никакой возможности определения этого предкового гаплотипа.

МОЙ ОТВЕТ:

Аналогия Ваша принципиально неверна. Цвет глаз зависит от соответствующих генов отца и матери, поэтому там возможны самые разнообразные комбинации, включающие цвет глаз у более далеких предков со стороны как отца, так и матери. Y-хромосома передается только по линии отца, и наследуются его мутации в Y-хромосоме, плюс у потомков появляются спонтанно образующиеся мутации, которые появляются не абы как, не разнообразными скачками на разные расстояния, а подчиняясь законам кинетики первого порядка, как, например, при радиоактивном распаде. Поэтому мутации относительно «плавно» расходятся от общего предка в группе современных гаплотипов, и это «плавно» продолжается столетиями, тысячелетиями и десятками тысяч лет. Все это описывается соответствующими закономерностями и формулами. Вы привели пример из статьи, и таких примеров можно привести десятки и сотни, а на самом деле неограниченное количество, и, как видите, никаких странных скачков там не наблюдается.

Естественно, с течением времени картина может стать более сложной, но это обычно наблюдается при появлении неконтролируемых и непредсказуемых факторов – крупные катастрофы, войны, эпидемии, и при этом «статистическая равномерность» нарушается, некоторые группы потомков погибают, проходят «бутылочное горлышко популяции», и система становится более «гетерогенной». Тогда для применения соответствующих расчетных формул необходимо подразделять систему на ветви, и каждую ветвь обрабатывать (расчетно) по отдельности. И тогда получится, что в системе можно выделить несколько «общих предков», с предковыми аллелями – продолжая Ваш пример – 11, 12, 13 и так далее. Например, перебрался один из потомков на другой материк, и для последующего его потомства уже ОН станет общим предком, и так далее. Для этого и производится анализ системы гаплотипов, как правило, в форме соответствующего дерева гаплотипов.

Как показывает практика, предковый (базовый) гаплотип полностью меняется в потомках по прошествии многих тысячелетий, а то и десятков тысяч лет. Это время зависит от того, насколько «медленный» формат гаплотипов выбран. Чтобы это понять по-настоящему, нужно этим заниматься самому, строить деревья гаплотипов, проводить расчеты ветвей, проводить соответствующие интерпретации результатов.

LETTER 324

I came across your work «DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome, I. Basic Principles and the Method», and I was wondering if you could explain something to me.

I am R1b-U152-L20 and I have a DYS 388 marker at 13 and I was told that the mutation rate for DYS 388 is extremely slow; maybe taking 1000-4000 years.

I have a first cousin four times removed and his DYS 388 is 12 and other relatives originating in Scotland that also have a DYS 388 of 12.

Oddly enough I have a Y-DNA match of 60 out of 67 with a person (Savage/le Sauvage) and we both have a DYS 388 of 13.

So, is my DYS 388 = 13, a mutation from 12 to 13 that occurred after the ancestor that I had in common with my first cousin four times removed (and the others); or is it that my first cousin's DYS 388 (and the others) has mutated from 13 to 12?

It is likely that the geographic origin of my surname line (Venator), and the Sauvage surname line, was the same, some time of go (1500 to 2000 or more years ago), and that would be the Rhone Alps France area, and that both surname lines at least in part, ended up in Normandy France (Flanders) and

then went to England in the Norman Conquest (my line eventually went up to Scotland and the Savage/Sauvage line primarily stayed in England (but could have gone to Scotland and actually adopted the surname Venator/Hunter))?

MY RESPONSE:

Let us do some math.

1. Haplogroup R1b arose approximately 22,000 years ago, its subclade U152 arose some 4800 years ago, and its downstream subclade L20 has formed some 4100 years ago. As you see, there is a lot of room for potential "relatives" within L20.

2. Marker DYS388 has a mutation rate constant of 0.00022 per generation, in other words it mutates (on average) once in 4545 conditional generations (25 years each, that is how the mutation rate constant was calculated), that is once in about 114000 years. I do not know where did you get 1000-4000 years, it was certainly not a reliable source.

3. However, do not take it literally as one has to wait for 4545 generations for a mutation in DYS388 happens. In fact, in 4545 newborn men/boys one mutation happens only in any one given generation. Since in subclade L20 there are tens of thousand of men, you see that there are many folks around with DYS388 =13. Some of them may be not in your lineage at all, it is just a silly statistics. Some, of course, can be in your lineage. You cannot tell it without further investigation.

4. In fact, you did some further investigation and found that you and your suspect relative have seven mutation difference in your two 67 marker haplotypes. It places you both at a time difference of $7/0.12 = 58$ generations, that is about 1460 years (I leave here out an error margin of the figures, this is just to give you an idea). It means that your common ancestor lived at half of that distance, that is about 730 years ago, in the 13th century. Not too bad for the L20 subclade.

5. However, the calculation above can be misleading unless both of you belong to the same downstream subclade of L20. If you both belong to different subclades of L20, one of them arose, say, 3500 years ago, and another 2000 years ago, your common ancestor could not have lived after 3500 years ago, and the calculations above again are products of silly statistics.

CONCLUSION: in order to compare two haplotypes, you cannot rely on some ancient subclades, such as L20, and on mutation differences in haplotypes. You have to go deeper and identify deep subclades in both of

you. Only when two of you belong to the same family (which is deep subclades) you can do those calculations.

Regards,

CONTINUATION

I greatly appreciate your response and knowledge. It is great to answer unanswered questions. If I may (hypothetically), so the the 67 marker relative of 730 years ago (13th century) (also L20) being DYS388 = 13 obviously occurred first in time and then my first cousin (4 generations removed) who is DYS388 = 12 (L20), had a DYS388 mutation from 13 to 12, and I have had no mutation of the DYS388 ?

(And yes we will have to do a test for a deep subclade).

MY RESPONSE:

Yes, anyone can have a mutation at DYS388 12 →13 or 13→ 12, and it would mean nothing but a shear statistics. However, if it happens in someone in your deep subclades, the chance that he belongs to your lineage is MUCH higher.

ПИСЬМО 325

Персональное ДНК-генеалогическое исследование получил. Большое спасибо! Говоря словами классика: шаг стал пружинистым, плечи расправились...

Появился вопрос. На стр.12 Интерпретации сказано: «Ближайший к Вашему гаплотип (под номером 432) принадлежит немцу, что для балто-карпатских ветвей совершенно неудивительно». О каком немце идет речь?

МОЙ ОТВЕТ:

Фамилию свою немец в базу данных не представил, но его предки происходят из Восточной Пруссии, с территории современного Правдинского района Калининградской области. По гаплотипу он к Вам не близок, вот его 23-маркерный гаплотип:

13 25 15 10 12 14 10 13 11 30 16 14 20 30 10 10 15 17 17 11 24 12 23

Несложно подсчитать, что он отличается от Вашего гаплотипа на 14 мутаций, что эквивалентно дистанции в 8125 лет. Значит, общий предок

вас обоих жил примерно 4060 лет назад, то есть на половине этой дистанции.