

*Ultima ratio*

**Вестник Академии ДНК-генеалогии**

**Proceedings of the Academy  
of DNA Genealogy**

**Boston-Moscow-Tsukuba**

**Volume 11, No. 2  
February 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

Что нового о «выходе человечества из Африки»? <i>А.А. Клёсов</i> .....	158
Комментарии на <i>Переформате</i> .....	197
Пушкин, Ратша и их предки. <i>Б.И. Попов</i> .....	254
<i>Анатолий А. Клёсов</i> . Прямая линия (Часть 4).....	267
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 92, письма 326-330.....	306

## Что нового о «выходе человечества из Африки»?

Анатолий А. Клёсов

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

Вопрос о том, где и когда впервые появился «анатомически современный человек» считается одним из сложнейших вопросов современной науки. Действительно, читая академические статьи, посвященные этому вопросу, видишь, насколько редки факты и насколько противоречивы их трактовки. Причем трактовки меняются по несколько раз на протяжении каждого года. Добросовестные авторы отличаются осторожностью в ответах на вопросы «где и когда», и после рассмотрения разных вариантов приходят к выводу, что ответа пока дать не могут. Это продолжается и в статьях 2016-2018 года.



Авторы недобросовестные начинают свои статьи со слов «как известно, анатомически современный человек появился в Африке», или «как показано, вышел из Африки...», и дальше идет то же самое. В этой статье мы покажем, кого больше – добросовестных или недобросовестных, на примере статей, опубликованных в ведущих журналах в самое последнее время, в 2016-2017 гг. Казалось бы, недобросовестным авторам должно быть неловко, ведь они, наверное, читают статьи авторов добросовестных, и должны понимать, что ответа на главный

поставленный вопрос пока нет... Но неловкости не видно, это в современной биологической академической науке не принято, чтобы писать, что, мол, мы ранее ошибались, вопрос на самом деле еще не решен, с трактовкой мы промахнулись, альтернативные варианты не рассмотрели, просим принять это во внимание.

Есть и намного более худший вариант – когда некоторые активисты «от науки» или не понимая, что вопрос «где и когда» еще далеко не решен, или просто об этом не думая, работая на «автопилоте», кидаются в «охоту за ведьмами», и тех, кто понимают, что вопрос не решен, публично обзывают «лжеучеными». По мнению недалеких «активистов» вопрос давно решен, еще 30 лет назад, все ясно, доказано и описано. Эти активисты твердят, что «анатомически современный человек» появился, конечно же, в Африке, и *«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»*. Это фантазийно живописует сотрудник лаборатории анализа генома Института общей генетики РАН С. Боринская, на что профессиональный антрополог, выпускник кафедры антропологии Стенфордского университета (США), ей возразил – *«Уверяю Вас, что у популяционной генетики нет методов, позволяющих определить, что люди пересекают проливы и используют богатые пищевые ресурсы»*.

Более того, статья американских исследователей, в которой изучались геномы африканцев, опровергла эти воззрения про «южный путь выхода из Африки». Но Боринская не успокоилась, и стала активно писать доносы в комиссию при Президиуме РАН, что выход человека из Африки давно доказан, а кто в этом сомневается, да еще показывает другие данные, тот «лжеученый». На ту же позицию, что выход человека из Африки сомнениям не подлежит, и был он именно 70 тысяч лет назад (это на самом деле некритическое попугайство недобросовестных работ, написанных другими), стали Балановский (Институт генетики РАН), Балановская (Академия медицинских наук), Дробышевский, Соколов, Пежемский, Бужилова с кафедры антропологии МГУ, задействовав сайт «Антропогенез», и тоже зашумели «лженаука», «псевдонаука», бросились подписывать осуждающие письма. Т.Д. Лысенко ностальгически завидует. Его люди, по духу. К тому же эти «активисты», войдя во вкус, стали устраивать серийные конференции типа «Ученые против мифов», присуждать потешные «премии», в общем, по старому хорошему правилу «где бы ни работать, только не работать».

О многом этом написано в книге «Кому мешает ДНК-генеалогия» (2016), так что не будем далее о них продолжать. Посмотрим, что нового появилось по теме «выхода из Африки» в 2016-2017 годах, насколько вопрос доказан, обоснован и ясен, какой там прогресс. Но чтобы не томить читателя ожиданиями, сообщим, что концепция «выхода из

Африки» за прошлый год стала еще более шаткой, что датировка выхода якобы «70 тысяч лет назад» стала намного более неопределенной, что фантазии целого ряда авторов о том, что из Африки человек направился в Австралию, в некоторых статьях не подтвердились, а в других в этом засомневались, что появились новые интерпретации, что анатомически современный человек появился не в Африке, а в юго-восточной Азии, и они, те интерпретации, опираются на недавно полученные данные. Если коротко, то разнобой в литературе усилился, никакой ясности по «выходу из Африки» там нет. В этой статье рассмотрим это предметно.

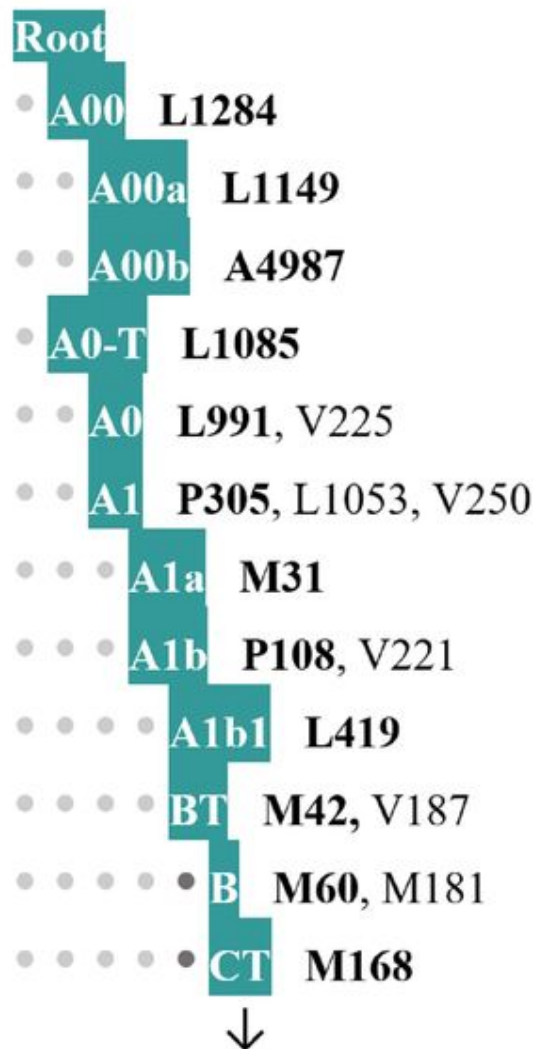
### **Напомним о результатах наших исследований методами ДНК-генеалогии**

Но перед тем, как рассмотреть конкретно, к чему пришла академическая наука в 2016-2017 гг. по вопросу «где и когда появился анатомически современный человек», и что там с «выходом из Африки», рассмотрим сжато результаты и выводы наших исследований, которые мы опубликовали, начиная с 2012-го года, в основном в журнале *Advances in Anthropology* <http://www.scirp.org/journal/aa/>, в книгах (2015-2018), и в статьях на Переформате. К чему мы пришли, по пунктам?

1. Никаких убедительных данных по выходу «анатомически современного человека» из Африки не было и нет. Примечание – я часто употребляю формулировку «анатомически современный человек», потому что именно о нем была речь в концепции «выхода из Африки». Как только это упустишь из вида, жуликоватые «ученые» тут же подменяют основной тезис, и начнут подсовывать выход эректуса, шимпанзе или инфузории туфелька. Лишь бы из Африки, мантра такая. Все интересующиеся этим вопросом помнят, что когда на территории современной Грузии, в Дманиси, нашли «человека грузинского», *Homo georgicus*, то тут же объявили, что он пришел туда из Африки. Никаких данных к тому, конечно, не было и нет. Другие придумали, что, возможно, он появился вне Африки, но потом перешел в Африку, из него образовался *Homo sapiens*, из того – анатомически современный человек, и вот он-то вышел из Африки 70 тысяч лет назад. Никаких данных к такому путешествию нет, но непременно надо, чтобы из Африки. Кстати, сейчас появляются «данные» (на самом деле, конечно, никаких данных нет), что человек вышел из Африки уже 200-250 тысяч лет назад. Безусловно, назвать такого человека «анатомически современным» нет никаких оснований, это должно было быть анатомически архаичное создание, которое к *Homo sapiens* по определению отнести никак нельзя. Но дело даже не в этом, таким вопросом авторы подобных сообщений не задаются. Их «задача» – подвести базу под «выход из Африки», поскольку сейчас за пределами

Африки находят все больше свидетельств о том, что человек жил там более 100 тысяч лет назад.

2. Постоянное повторение популяционными генетиками того, что «высокое генетическое разнообразие людей в Африке» якобы свидетельствует о том, что люди впервые появились в Африке, а значит, и вышли оттуда, не имеет под собой никакой научной основы. Об этом я много раз писал. Популяционные генетики не подумали, что критерий высокого разнообразия относится только к замкнутым системам, а Африка, как и любой крупный город – система открытая, и кто туда только ни приходил за долгое время... Вот откуда и высокое генетическое разнообразие. В Африке есть вообще все гаплогруппы, как нынче на Карибских островах в сезон. В Москве тоже. И в Нью-Йорке. Колыбель человечества? Конечно, разнообразие высокое, это факт, и другим оно быть не может. Но интерпретация популяционными генетиками никуда не годится.



**Остальные неафриканские гаплогруппы**

Фрагмент эволюционного дерева гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы для гаплогрупп серии А и В. В нижней части дерева показан только исходный (вышестоящий) субклад гаплогруппы СТ, стрелка показывает направление нисходящих субкладов данной гаплогруппы и последующих нисходящих гаплогрупп. «Root» в верхней части дерева фактически означает ствол эволюционного дерева Y-хромосомы, уходящий вглубь времен на миллионы лет. Положение гаплогрупп А00 и А0-Т (образовались примерно 200-240 тысяч лет назад) связывают со временами образования *Homo sapiens*, или его непосредственного эволюционного предшественника. Диаграмма приведена в сокращенном виде, в ней опущены десятки промежуточных субкладов и сотни параллельных или синонимных сипов. Источник – классификация ISOGG-2017.

Диаграмма выше имеет исключительно важное значение для понимания того, что «выход анатомически современного человека» из Африки имеет очень мало степеней свободы. Мы видим, что от эволюционного ствола Y-хромосомы человечества в самой верхней его части развилкой образовались две гаплогруппы – А00 и А0-Т, что произошло между 200 и 240 тысяч лет назад. Это был скорее непосредственный предшественник *Homo sapiens*, человека разумного, но, возможно, его можно уже отнести и к *Homo sapiens*. Это зависит от определений и конкретного фактического материала по скелетным остаткам, которого для тех времен чрезвычайно мало. Насколько можно оценить, представители вида *Homo* тех времен имели большой набор архаичных особенностей, и по мнению многих антропологов это не позволяет отнести их к *Homo sapiens*, только к его предшественникам. Такими являются, например, ранние *Homo*, как *Homo rudolfensis* (найден в Кении с датировкой 1.9 млн лет назад):







или Homo erectus (найден там же с датировкой 1.8 млн лет назад):



Этот вопрос не имеет прямого отношения к теме настоящего исследования, и затронут для соблюдения исторической преемственности рассмотрения, кто мог жить в Африке в давние времена, и откуда они там появились. Например, из диаграммы выше видно, что часть развилки, относящаяся к гаплогруппе A00 (и его двух известных нижестоящих субкладов A00a и A00b), является тупиковой в отношении «выхода из Африки».

Действительно, носителей гаплогруппы A00 вне Африки неизвестно, за исключением потомков рабов, которых из Африки вывезли несколько столетий назад. В самой же Африке носители A00 найдены в Камеруне, в племенах Мбо и Бангва (Клёсов А.А. Ваша ДНК-генеалогия, М., 2016, стр. 46-50), и общий предок выборки из 11 человек жил всего 425 лет назад. В итоге имеем информацию, что судя по снипам гаплогруппа A00 образовалась примерно 235 тысяч лет назад, где она образовалась, в Африке или за ее пределами – неизвестно, число носителей A00 в Африке оценивается в несколько тысяч человек, общий предок выборки жил совсем недавно по историческим меркам, и в результате даже протяженные гаплотипы (94- и 111-маркерные) по всей выборке почти одинаковы. Иначе говоря, мутации в гаплотипах не успели разойтись от недавнего общего предка. И что важно в контексте настоящего изложения, носители гаплогруппы A00 не могут быть причислены к тем

«вышедшим из Африки», от которых пошло современное человечество, поскольку потомков их в современном человечестве не наблюдается.

Потомки в современном человечестве наблюдаются от носителей гаплогруппы А0-Т (см. диаграмму выше), более того, все гаплогруппы, нижестоящие от ВТ (как и сама ВТ), то есть все мужчины-читатели настоящей статьи имеют в своих Y-хромосомах снипы (мутации) L1085 и другие, которые и определили гаплогруппу А0-Т. Но здесь в отношении «выхода из Африки» есть два запрета – (1) носители гаплогруппы А0-Т в Африке не найдены (за исключением визитеров, типа камерунцев, носителей гаплогруппы R1b, потомков буров в Южной Африке, носителей гаплогруппы Е, которая образовалась не в Африке, и так далее), (2) от гаплогруппы А0-Т опять наблюдается развилка, и «африканская» гаплогруппа А0 опять, как и А00, является тупиковой в отношении «выхода из Африки». Ее-то и в Африке почти нет, найдено всего несколько человек (один в Гамбии, Западная Африка, и еще несколько в США и Барбадосе, потомки чернокожих африканских рабов). Как «тупиковая», гаплогруппа А0 не могла произвести неафриканские гаплогруппы от В до Т.

Потомки современного неафриканского человечества имеют последовательность гаплогрупп А0-Т > А1, но с гаплогруппой А1 у африканцев те же проблемы в отношении «выхода из Африки и расселения по всему миру в виде своих потомков». От гаплогруппы А1 опять наблюдается развилка, и гаплогруппа А1а является «тупиковой», она не могла произвести неафриканские гаплогруппы от В до Т. Гаплогруппа А1а встречается не только в Африке (в частности, в Египте), но и немалых количествах в Европе, но не выходит за пределы своих нижестоящих субкладов. Причина ясна при рассмотрении диаграммы выше – от А1а не образуются другие гаплогруппы, это, как уже было пояснено – тупиковая ветвь в отношении филогении. Только гаплогруппа А1b встречается практически у всех неафриканцев, в последовательности А0-Т > А1 > А1b > ВТ > СТ, но опять от гаплогруппы А1b наблюдается развилка на А1b1 и ВТ, причем «африканской» является только А1b1, и она опять «тупиковая», она не могла «выйти из Африки» и породить остальные гаплогруппы. А гаплогрупп А1b и ВТ в Африке не обнаружено, если опять не считать у носителей неафриканских по происхождению гаплогрупп, которые перебрались в Африку значительно позже, чем мог быть предполагаемый «выход из Африки».

В итоге получается, что из Африки не могла выйти никакая «африканская» гаплогруппа, будь то А00, А0, А1а или А1b1, чтобы породить остальные, неафриканские гаплогруппы. Они все в этом отношении тупиковые, от них нет «мостика» к неафриканским гаплогруппам. Поэтому вопрос остается – так какая же «африканская»

гаплогруппа вышла из Африки с «анатомически современным человеком», и стала предковой к неафриканскому человечеству? Ей не могла быть и гаплогруппа В, она тоже тупиковая в этом отношении, см. диаграмму. Неафриканской является цепочка А0-Т > А1 > А1b > ВТ > СТ > (остальные неафриканские гаплогруппы), но ни один носитель этих субкладов в Африке не найден, если не считать «пришлых» гаплогрупп, которые прибыли в Африку не ранее нескольких тысячелетий назад.



*Регионы койсанских народов обозначены желтым цветом (из Википедии)*

В академических статьях часто упоминаются койсанские народы – южноафриканские племена с их щелкающими языками, и, как уверяет Википедия, «учёными было подтверждено, что койсанские народы с древнейших времён были изолированы от остального человечества... Исследование Y-хромосомы показало, что койсанские народы являются носителями Y-хромосомных гаплогрупп А и В».

Открываем статью 2016 года (Barbieri и др., Human Genetics) под названием «Уточнение филогении Y-хромосомы в Южной Африке», читаем – «изучали Y-хромосомы 547 человек южноафриканцев, говорящих на языках койсанских и банту». Результаты – найдены гаплогруппы А1b1 (те самые, которые «африканские», без следов «выхода из Африки»), В2а, В2b, Е1b, Е2, G, I, О, R1, Т. Других

«африканских» не найдено, включая A0, A1, A1a, A1b, но 58% – гаплогруппы неафриканского происхождения. Вот такая цена словам «с древнейших времен изолированы от остального человечества». Выходит, что койсанские племена более чем наполовину подхватывали гаплогруппы неафриканцев. А ведь геномы койсанцев стали излюбленным объектом «широкогеномных» и прочих попгенетиков как пример «генетически чистых» африканцев, и «сходство» их с геномами неафриканцев тут же подается как «доказательство выхода из Африки». Но при таком наборе гаплогрупп сходство с неафриканцами просто обязано быть.

Так кто куда входил и переносил гаплогруппы – «из Африки», когда A1b1 (24% у койсанцев) есть практически только у арабов Ближнего Востока (Саудовская Аравия, Катар, Кувейт, ОАЭ), и неизвестно, выходила ли A1b1 из Африки, или, напротив, туда входила, например, с Ближнего Востока, а уж гаплогруппы E, G, I, O, R, T туда, в Африку, безусловно входили. К этому можно добавить еще и то, что по приведенным данным по гаплогруппе B2a у койсанцев (их было две трети в изучаемой выборке) общий предок всей выборки жил менее трех тысяч лет назад, как показано ниже.

Так что опять для «выхода из Африки» места не остается, и никаких пояснений, кто именно выходил, носители какой гаплогруппы, популяционные генетики не дают. Получается, что ни гаплогруппа A, ни B из Африки не выходила. А если выходила, ни малейших данных к тому нет. Может, выходили женщины, а мужчин с собой не взяли? Но попгенетики и этого не пишут. Обходятся молчанием, кроме как «выходили анатомически современные люди». Очень информативно.

Но в последнее время попгенетики поняли, что «выход из Африки» не получается, если пояснять предметно, какая именно гаплогруппа выходила. Поэтому они прибегли к новой тактике – гаплогруппы вообще не упоминать, как и гаплотипы. Надо брать вообще геном (или его фрагменты), смешивая как мужчин, так и женщин, и сопоставлять геномы (то есть наборы снипов) в Африке и вне ее. Похожи геномы – значит, из Африки выходили (то, что с тем же успехом те же данные могут показывать «вход в Африку», попгенетики не рассматривают), а если непохожи... А такого не бывает, они всегда чем-то похожи. Вот и ответ готов, выходили, стало быть. А уж что «анатомически современные» выходили – само собой разумеется, не коркодилы там какиенибудь, прости Господи... Мы ниже рассмотрим примеры такого «универсального» подхода.

3. Попгенетики не устают твердить, что в Африке зародилась гаплогруппа A (Y-хромосомы), а из нее образовалась гаплогруппа B, и далее все остальные. При этом обычно заявляется, что переход A > B произошел в Африке, носители гаплогруппы B из Африки вышли, и

остальные уже образовались позже, вне Африки. Но какой вариант ни обсуждать, где произошел переход  $A > B$ , он в любом случае невозможен в разумных временных рамках, рассматриваем мы гаплогруппы В или ВТ (или ВR, как ее раньше называли). Если гаплогруппа А (или ее наиболее древний вариант) образовалась, скажем, 200 тысяч лет назад, а гаплогруппа ВТ 130 тысяч лет назад (как показано расчетом по снипам компанией YFull), то между ними всего 70 тысяч лет. Запомним это. Гаплогруппа В образовалась (расчеты по снипам той же компанией) 88 тысяч лет назад, так что между гаплогруппами А и В примерно 110 тысяч лет. Запомним и это. На самом деле между гаплогруппами категории А (их уже в классификации много) и В – сотни тысяч лет, это очевидно (и показано расчетами, и опубликовано в наших работах) по мутациям в гаплотипах, содержащих только «медленные» маркеры. Они не могли образоваться одна из другой (В из А) в течение сотен тысяч лет, они могли быть только «параллельными», уходя к какому-то очень древнему общему предку. Короче, гаплогруппа В (или ВТ) не могла образоваться из гаплогруппы А, и этот тезис ( $A > B$ ) тоже неверен.

Кстати, основной справочник популяционных генетиков, классификация ISOGG, и сейчас, в 2017 году, повествует: «The A haplogroup is thought to have been defined about 60,000 years bp. The ВТ haplogroup split from the root of the Y haplogroup tree 55,000 years before present (bp)...». Перевод – «Гаплогруппа А, как полагают, образовалась примерно 60000 лет назад. Гаплогруппа ВТ отщепилась от корня дерева Y-хромосомы 55000 лет назад». Иначе говоря, популяционеры продолжают полагать, что гаплогруппы А и В разделяют всего 5 тысяч лет, но если считать от «корня дерева», если эти гаплогруппы отходят от него, то получается, что их разделяют 115 тысяч лет.

То, что это категорически неверно, несложно показать на гаплотипах, но популяционеры не показали, они с гаплотипами работать, как известно, не умеют. Хотя бы потому, что ДНК-генеалогия – не популяционная генетика, а подходами ДНК-генеалогии популяционеры не владеют. Сейчас в базах данных уже есть немало протяженных гаплотипов гаплогрупп серии А и В. Взглянем на них, переведем их в «медленные» 22-маркерные гаплотипы, которые еще в 2012 году были приведены в нашей с И.Л. Рожанским статье в журнале *Advances in Anthropology*. Итак, пример современного гаплотипа гаплогруппы А00 (все современные гаплотипы А00 практически одинаковы, то есть их общий предок жил совсем недавно, как, впрочем, и практически у всех современных гаплотипов гаплогрупп категории А):

13 11 12 10 11 16 10 8 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11

Пример современного гаплотипа гаплогруппы В (они тоже все практически одинаковы, что свидетельствует об их относительно

недавнем общем предке, и это будет показано ниже):

**11 12 13 11 11 10 11 9 16 16 8 10 8 12 10 11 15 7 12 10 12 11**

Между гаплотипами гаплогрупп А00 и В-М181 имеется 30 мутаций (мутированные маркеры выделены), что для 22-маркерных гаплотипов (1.4 мутации на маркер!) отражает астрономическое временное расстояние между ними, соответствующее более чем 500 тысяч лет. Их общий предок, если такой был, жил примерно 270 тысяч лет назад, и он уходит вглубь времен на эволюционном дереве Y-хромосомы человечества. Ясно, что носители гаплогруппы А00 из Африки не выходили, и их потомков вне Африки пока не обнаружено (помимо тех, кого вывозили в прошлые века в качестве рабов).

Такие же мутационные дистанции имеют место между гаплотипами групп А00, с одной стороны, и гаплогрупп-субкладов В1-М236, В2а1-М218, М152, V83, В2b-М112, В3-Л1389, с другой, между ними 25-34 мутаций на 22-маркерных гаплотипах, что делает совершенно невозможным происхождение гаплогруппы В от А00 или близкого филогенетического окружения гаплогруппы А00. От гаплогруппы А00 гаплогруппа В не могла произойти в любом случае, у них разные филогенетические ветви, и цель этой части рассмотрения – показать, насколько они удалены друг от друга во времени.

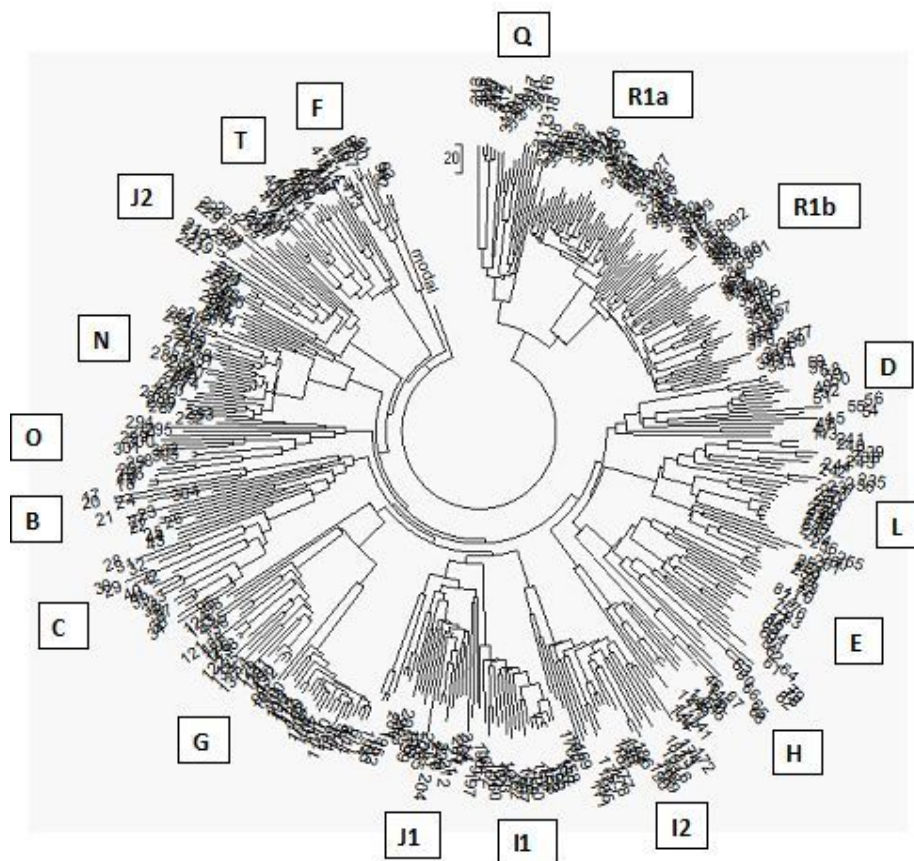
Так от какой из гаплогрупп категории А могла произойти гаплогруппа В, или родственные ей гаплогруппы? Ответ – во всяком случае не от гаплогрупп А00, А0, А0а, А0b, А1а или А1b1. Это всё в основном «африканские» гаплогруппы по нынешнему месту проживания, но А1а довольно обильно встречается в Европе и в Египте, хотя Египет – тоже Африка. У потомков гаплогруппы ВТ, то есть практически у подавляющей доли жителей Европы, Азии, обеих Америк и Австралии с Океанией «африканских» мутаций групп А00, А0, А1а и А1b1 нет. У нас есть мутации гаплогрупп А0-Т, А1, А1b и ВТ, но в Африке встречаются в основном носители «африканских» гаплогрупп А1b1, мутаций которых у нас, неафриканцев, повторяю, нет.

Вернемся еще раз к недавней статье (Barbiery и др., Human Genetics. 2016), в которой у койсанцев и банту из Южной Африки найдены исключительно гаплогруппы А1b1, В2, и неафриканские гаплогруппы Е1b, Е2, G, I, О, R1 и Т. Собственно, гаплогруппа В2 по происхождению тоже неафриканская, как мы покажем ниже, не стоит путать происхождение гаплогруппы и континент ее нынешнего проживания. Так, в Камеруне и Чаде живут сотни тысяч, если не миллионы носителей гаплогруппы R1b, но она образовалась не в Африке. В Африке живут миллионы носителей гаплогруппы Е, но она образовалась не в Африке. В Америке, Северной и Южной, живут миллионы носителей



гаплогруппы Q, но она образовалась не в Америке. В Европе живут миллионы носителей гаплогрупп R1a и R1b, но они образовались не в Европе. То же относится к гаплогруппе BT, из которой в свою очередь образовалась гаплогруппа B, а из нее B2, но ни одна из них не образовалась в Африке. Они просто в Африку в свое время мигрировали, причем относительно недавно. Гаплогруппа A тоже, вполне возможно, образовалась не в Африке, и туда мигрировала, но мы и этого не знаем. Возможно, это было в относительно давние времена, сто-двести тысяч лет назад, или в относительно недавние, несколько тысяч или несколько десятков тысяч лет назад. Данных пока нет.

Приведем несколько иллюстраций. На диаграмме ниже приведено дерево из 403 гаплотипов в 111-маркерном формате почти всех гаплогрупп, производных от BT, включая гаплогруппу B.



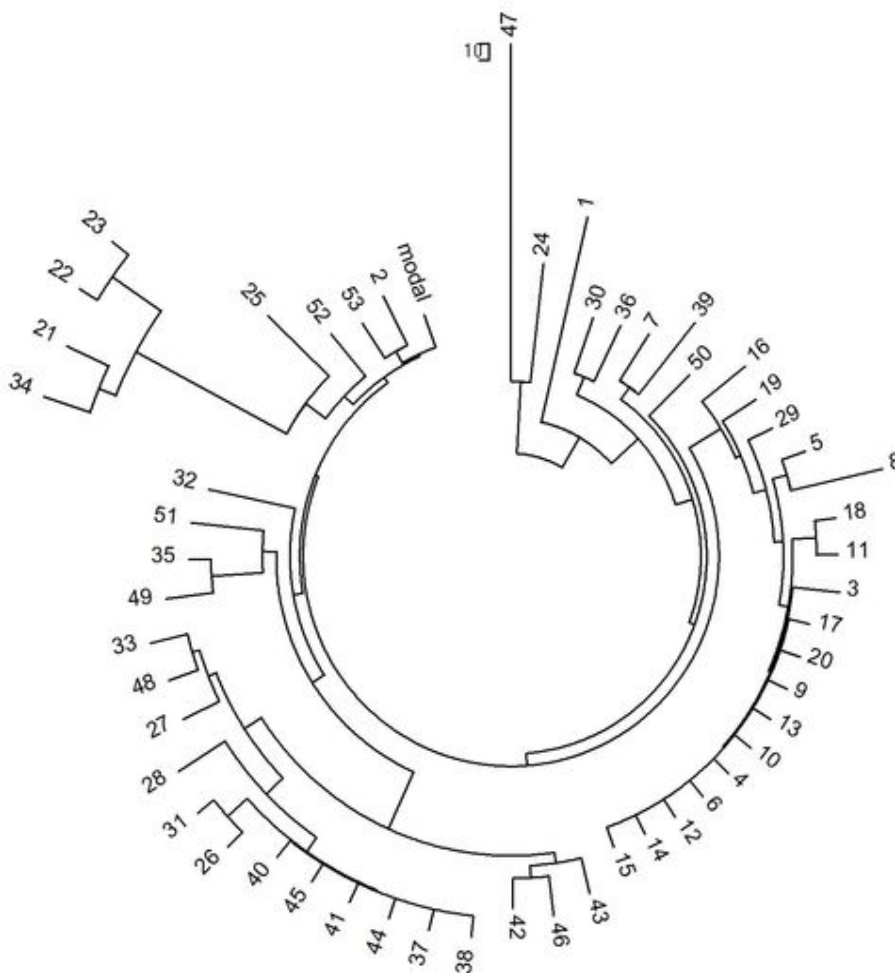
Y-хромосомное дерево человечества. Дерево построено из 403 гаплотипов в 111-маркерном формате, содержащим суммарно 44733 характерных чисел (аллелей). Эти 403 гаплотипа распределялись расчетной программой (PHYLIP) по принципу похлестости и генеалогического соответствия, и образовали серию ветвей, которые, как оказалось, соответствуют наиболее многочисленным гаплогруппам человечества, от B до T, указанным при ветвях. Расчет по числу

*мутаций показал, что общий предок гаплогрупп от В до Т жил примерно 63 тысячи лет назад. Это почти точно совпадает с рассчитанной ранее величиной  $64 \pm 6$  тысяч лет (Klyosov, Rozhanskii, Advances in Anthropology, 2012). Базовый (предковый) 22-маркерный гаплотип дерева имеет вид: 11 13 12 11 11 10 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12*

Как видно, ветвь гаплогруппы В вполне гармонично вписывается в дерево неафриканских гаплотипов, неафриканских как по месту жительства, так и по происхождению, как совершенно очевидно по виду дерева.

Общее дерево гаплотипов человечества позволяет провести интересные сравнения. Например, если мы сравним базовый 22-маркерный гаплотип дерева, приведенный в подписи к рисунку, с базовым 22-маркерным гаплотипом гаплогруппы А00, приведенным выше, то между ними имеются 26 мутаций, что дает примерно 207 тысяч лет до их общего предка. Иначе говоря, общий предок современных гаплотипов и гаплогруппы А00 опять уходит вглубь Y-хромосомного эволюционного дерева человечества, как и в случае с гаплогруппой В. Опять мы видим, что гаплогруппа В является частью неафриканского по происхождению дерева современного человечества. Никак не получается, чтобы гаплогруппа В была древней африканской гаплогруппой.

Теперь о том, насколько молодой является группа гаплотипов гаплогруппы В2а, обнаруженных в Африке (Barbieri и др., 2016). Из 547 Y-хромосом, собранных в Южной Африке, 53 относились к гаплогруппе В2а, и только они приведены в цитируемой статье в виде 23-маркерных гаплотипов. Расчеты по ним не проводилось, кроме того, что сообщено, как принято у популяционных генетиков, совершенно бесполезное число, а именно «разнообразие гаплотипов», равное 0.913. Нигде больше в статье это число не обсуждалось, да его и обсуждать бессмысленно. Оно неким кривым образом связано с числом мутаций в гаплотипах, но из него ничего не рассчитать и ничего не узнать. Это – популяционная генетика, такая «наука». К ДНК-генеалогии она не имеет никакого отношения. Что же с этим набором гаплотипов делает ДНК-генеалогия? Во-первых, строится дерево гаплотипов, чтобы получить сведения об однородности (или, напротив, неоднородности) выборки. Дерево в данном случае имеет вид:



*Дерево из 53 гаплотипов гаплогруппы B2a в 23-маркерном формате*

Совершенно очевидно, что выборка неоднородная, дерево состоит из нескольких молодых (плоских) ветвей, с недавними общими предками. Например, четыре гаплотипа слева вверху (под номерами 21-23 и 34) имеют всего 8 мутаций от базового гаплотипа ветви

13 24 16 10 11 11 13 14 11 18 17 15 22 12 13 12 13 18 16 10 25 12 17

что дает  $8/4/0.057 = 35 \rightarrow 37$  условных поколений (по 25 лет каждое) до общего предка, то есть общий предок жил  $925 \pm 350$  лет назад. Здесь стрелка показывает поправку на возвратные мутации, 0.057 – константа скорости мутации для 23-маркерных гаплотипов (в данном случае в нестандартном формате). Столь большая погрешность обусловлена малым числом мутаций, то есть крайне малой статистикой. Тем не менее, для нашей цели этого вполне достаточно, мы видим, что это вовсе не десятки тысяч лет. Так же можно рассчитать «возраст» общих предков и для других ветвей на дереве гаплотипов. Например, составная ветвь из

16 гаплотипов слева внизу, с базовым гаплотипом

13 24 15 10 11 12 12 14 12 18 18 14 23 11 12 12 13 19 17 10 25 11 17

содержит 62 мутации, что дает  $62/16/0.057 = 68 \rightarrow 74$  условных поколений, то есть  $1850 \pm 300$  лет до общего предка. Здесь мы умышленно не стали выбирать ветвь однородную, чтобы показать, что «возраст» общего предка даже неоднородной ветви все равно относительно недавний, наша эра. Если же рассчитать все дерево, не обращая внимания на его неоднородность (но понимая, что расчеты приблизительные), то получается, что общий предок всей выборки гаплотипов гаплогруппы B2a из южной Африки жил  $2860 \pm 330$  лет назад, опять же вовсе не десятки тысяч лет назад.

Это – типичные датировки для наборов «африканских» гаплотипов. Все они относительно недавние. Этому могут быть разные объяснения. Наиболее вероятных два – либо популяции в Африке живут недолго, и время от времени проходят «бутылочные горлышки», на грани выживания, либо носители этих гаплогрупп прибыли в Африку относительно недавно, несколько сот или несколько тысяч лет назад. То есть ситуация обратная – не «выход из Африки», а скорее «вход в Африку», причем многократный, разными группами и гаплогруппами. Это, естественно, увеличивает «генетическое разнообразие» в Африке. Эта версия была мной предложена несколько лет назад, и в последнее время находит неоднократные прямые подтверждения. Какие же это подтверждения?

### **Миграции в Африку. Недавние примеры исследований**

Это, например, статья в журнале Nature (Hayden, 2013), которая начинается словами «Первые люди покинули Африку 200 тысяч лет назад, и расселились по всему миру». Такой датировки вообще ни у кого не было, автор это сама придумала, никаких данных к тому нет. Но дальше она сообщает о том, что были «обратные миграции в Южную Африку, задолго до того, как туда прибыли европейские колонизаторы», что такие обратные миграции неоднократно отмечались в литературе ранее, и что только что получены новые данные о том (Pickrell и др., препринт, Гарвардская медицинская школа), что при изучении 200 южноафриканцев из 22 групп населения, включая койсанцев, в которых оказались фрагменты ДНК из других этнических групп, и что по данным авторов эти фрагменты перешли в ДНК африканцев примерно 3000 лет назад с неафриканских территорий, и далее передвинулись к койсанцам примерно 1800-900 лет назад. Случайно или нет, это совпадает с нашими расчетами по «возрасту» гаплогруппы B2a у койсанцев,  $2860 \pm 330$  лет,  $1850 \pm 300$  лет,  $925 \pm 350$  лет назад (см. выше). Правда, здесь генетики опять дают сомнительную информацию, и

авторы исследования (David Reich и Joseph Pickrell) сообщают, что у койсанцев всего 1-5% неафриканских ДНК, в то время как процитированное выше, несколько более позднее исследование койсанцев (Barbieri и др., 2016) сообщает, что в намного большей их выборке 58% – гаплогруппы неафриканского происхождения.

Еще пример того, что геномные данные являются ошибочными – цитируемая статья (Reich и Pickrell) сообщает, что «койсанцы имеют самые древние в мире генетические линии». Проверить по представленным ими данным это невозможно, но это опять не согласуется с более прямыми данными по изучению Y-хромосом койсанцев и определению их гаплогрупп и субкладов (Barbieri и др., 2016). По этим данным, четверть консанцев из выборки имеют субклады гаплогруппы А, а именно несколько вариантов A1b1, которые образовались 50-55 тысяч лет назад, еще 18% имеют варианты субкладов гаплогруппы В, которые образовались 50-59 тысяч лет назад, но общие предки современных койсанцев жили не более нескольких тысяч лет назад, а ряд линий – не более тысячи лет назад, остальные у койсанцев (60% от всех) – типичные европейские и азиатские гаплогруппы.

Здесь опять приходится обращать внимание на то, что данные по гаплогруппам – прямые, а вот данные по сопоставлению наборов «широкогеномной» каши из сотен тысяч и миллионов фрагментов ДНК, которые компьютер сортирует по слабо определенным критериям – весьма сомнительные и косвенные. Каждый раз, когда сравниваются данные по гаплогруппам и «широкогеномным» данным, всегда идет принципиальная нестыковка. Это в статьях «широкогеномных генетиков» никогда не обсуждается, эту тему они обходят, видимо, потому гаплогруппы и не определяют, хотя по геномным данным их определить не составляет никакого труда. Видимо, «широкогеномные» методологии имеют системные ошибки. Мы с этим постоянно сталкиваемся. Но генетики, повторяю, никогда это не упоминают, и от обсуждений уклоняются.

Еще статья, в которой сообщается о «миграциях генома» из Евразии в Африку («back to Africa»), вышла в 2015 году (Callaway, Science). Она пересказывает историю находки скелета с датировкой 4500 лет назад в пещере в юго-западной Эфиопии. Как пишут авторы, изучение его ДНК показало, что он – мигрант (или потомок мигрантов) с Ближнего Востока. Гаплогруппу, естественно, не приводят. При этом статья многократно приговаривает, что *«современные люди, Homo sapiens, появились в Африке 200 тысяч лет назад, перед тем, как заселить планету 60-100 тысяч лет назад»*, но никаких своих данных не приводят. Это – типичная мантра. Более того, автор цитируемой статьи продолжает, что *«доказательство этого заселения (из Африки) записано в геномах людей, живущих сегодня по всей Земле»*. Это, конечно, неправда, и если бы так

было, то не было бы продолжающихся дискуссий в академической печати, как показано в этой статье и продолжено ниже.

Авторы исходного исследования под названием «Геном древнего эфиопа показал значительную примесь из Евразии в Восточной Африке» (Llorente и др., Science, 2015) в своих обсуждениях пошли дальше, и сообщили, что этот приток «евразийских генов» охватил весь африканский континент. Это уже ставило под сомнение всю концепцию «выхода из Африки», авторов одернули, и они тут же опубликовали в том же журнале (Science, 2016) опровержение части своих высказываний, сообщив, что в отношении «всего африканского континента» они ошиблись, компьютер подвел (это было изысканно сформулировано как «биоинформатическая ошибка», а именно что программа samtools v0.1.19 в паре с программой PLINK не включилась), но вывод о том, что западноевразийский геном продвинулся в Восточную Африку остается в силе. Этот отзыв данных и выводов, конечно, забавен, поскольку весь африканский континент испещрен неафриканскими гаплогруппами, и авторы могли бы это без труда получить из своих же геномных данных. Но это – табу для «широкогеномных популяризаторов». Меньше знаешь – лучше спишь.

Итак, в отношении того, какая гаплогруппа образовалась из какой, в Африке или при выходе из нее, популяризаторы не знают, и в конце запутались. В частности, потому, что не знают они, какую гаплогруппу имел тот самый «анатомически современный человек», который «вышел из Африки». Когда он вышел, они тоже не знают, потому что 70 тысяч лет назад гаплогруппа А, как и гаплогруппа В, по их мнению, еще не образовались (см. выше, им популяризаторами отпущено всего 60 и 55 тысяч лет, соответственно), и тем более они еще не образовались, если человек вышел из Африки 100-120 тысяч лет назад, как считают другие популяризаторы. Так кто вышел-то, с какой гаплогруппой? Нет ответа. Но популяризаторы извернулись, их уже теперь гаплогруппы и гаплотипы не интересуют, они начали оперировать «геномами», а там прямых ответов не бывает. Вышел некто вот с таким-то геномом, причем этот некто – усредненные мужчины с женщинами. Да и так популяризаторы не отвечают, поскольку нет у них генома того (или тех), кто «вышел». А что есть? А есть усредненные геномы современных жителей Африки, и есть усредненные геномы неафриканцев. Популяризаторы же смотрят «похожесть» этих геномов с той и другой стороны. Про то, как определяется эта «похожесть», я уже немало писал, это, конечно, сюрреализм. Повторять не буду, об этом я в очередной раз писал в предыдущей статье <http://pereformat.ru/2017/02/popgenetika-na-marshe/>

Если совсем коротко – то берут геном, разрезают его на сотни тысяч и миллионы фрагментов разного размера, в них – сотни тысяч и

миллионы снипов, и компьютер решает, очень ли похожи фрагменты африканцев и неафриканцев (в данном случае), частично ли похожи, или частично непохожи, или умеренно похожи, и так далее, и в итоге выносит вердикт. Гаплогруппы и гаплотипы при этом не сравнивают, опять меньше знаешь, лучше спишь. И получается, например, что у **русских 13% похожести на американских индейцев**. Попугенетик записывает – русские произошли от американских индейцев. Далее, компьютер сообщает, что у ископаемого скелета с Байкала древностью 24 тысячи лет (гаплогруппа R) и у американских индейцев (гаплогруппа в основном Q) геномы похожи на 14-38%. Попугенетик записывает – эти с Байкала пришли в Америку, потому и похожи. То, что гаплогруппы R у америндов нет, попугенетику невдомек, компьютер же показал, что похожи, значит, пришли туда, в Америку. То, что гаплогруппы R и Q – потомки гаплогруппы P, так что геномы обязаны быть похожи, попугенетику в голову не приходит.

Так что читателю уже понятно, как «показывали» выход из Африки. Похожи геномы африканца и неафриканца – значит, вышли, причем именно из Африки. То, что похожесть может означать, что, напротив, пришли в Африку, попугенетику в голову опять же не приходит. Даже после того, что другие «геномщики» показали, что пришли **именно в Африку**, о чем мы расскажем ниже. Но попугенетика этими данными не возьмешь, ему надо, чтобы из Африки вышли, а все остальное – от лукавого.

Вот такая у них наука. Итак, подведем краткие итоги предыдущих разделов:

- (1) «Генетическое разнообразие», которое выдается попугенетиками за якобы доказательство того, что *Homo sapiens* образовался в Африке, отражает не древнее происхождение человека, а интенсивность миграций человека в Африку, начиная, возможно, с древнейших времен,
- (2) Носители койсанских языков, которых (безосновательно) полагали древнейшими людьми Африки и мира, на самом деле представляют совокупность носителей самых разных гаплогрупп, в значительной степени неафриканских по происхождению,
- (3) Все изученные до последнего времени выборки африканских Y-хромосом, относящихся к древнейшим по происхождению гаплогруппам, имеют относительно недавних общих предков, с датировками сотни или несколько тысяч лет назад; где произошли эти древнейшие гаплогруппы, остается неизвестным, и не исключено, что вне Африки,

(4) Никакой гаплогруппы для «анатомически современного человека», «выходящего из Африки», приписать невозможно,

(5) Никаких данных по «выходу из Африки» нет, кроме фантазий и выдавания желаемого за действительное.

Перейдем к рассмотрению того, какие новые данные в отношении «выхода из Африки» получены данными «широкогеномного анализа», на конкретных примерах последнего времени, а именно в 2016-2017 гг.

### **Какие новые данные геномного анализа в отношении «выхода из Африки»**

Надо сказать, что в последнее время некоторые генетики стали осознавать, что противоречия в этом отношении нарастают, но другие продолжают некритично придерживаться прежних постулатов. Общим местом этих «других» является утверждение, что «современный человек вышел из Африки», именно в виде постулата.

Примером этого является выступление в конце 2016 года директора НИИ, то есть министра здравоохранения США, под названием «Выход из Африки: анализ ДНК показывает, что выход был однократным». Надо упомянуть, что директор Коллинс был назначен на этот пост президентом Обамой и единогласно утвержден Конгрессом США, и новый президент Трамп попросил его пока не покидать этот пост. Две основные цитаты из выступления –

- *«Предки всех людей прослеживаются в Африке»,*
- *«Мы все африканцы».*

И далее директор переходит к тому, что в 2016 году опубликованы три важных исследования, два из которых сделаны по грантам НИИ. В них проведен анализ 787 полных геномов, представляющих 280 популяций планеты, и было показано (по словам директора), что древнейшие люди вышли из Африки не менее 50 тысяч лет назад и разошлись по Евразии. Дальше директор, правда, сообщает, что новые исследования несколько различаются в своих выводах, но сходятся на том, что предки современных людей вышли из Африки однократно, *«в результате единственного миграционного процесса», «и если выходили ранее, то следов от них в геномах современных людей нет».*

Сейчас я перескажу то, как директор описывает (и видит) результаты этих исследований, а затем, в следующем разделе, изложу то, что эти исследования показывают на самом деле. Возможно, это поможет



читателям увидеть принципиальную разницу между тем, как эти исследования подаются заинтересованными людьми, и что они на самом деле показывают. В этом зачастую гвоздь проблемы. Одни как мантру повторяют про «выход из Африки», и даже приводят фантазии, когда именно вышли, однократно или многократно, по какому пути шли, куда и когда пришли, но никогда честно не говорят, как это якобы было получено. Они не говорят, что это «интерпретации», вольный пересказ, фантазии, натяжки, подгонка, выдавание желаемого за действительное. Другие... а других практически нет. И в самом деле, зачем другим первых ловить за руку? Сами без грантов окажутся. Поэтому всё, что другие могут делать, это честно анализировать свои данные, показывать сложность вопроса, не критиковать первых, и вообще обходить вопрос о «выходе из Африки». Самое забавное, что когда работы вторых пересказывают в печати, то начинают с того (или заканчивают тем), что эти вторые якобы показали «выход из Африки». Вот так строится уродливая стена, окружающая «выход из Африки».

Я могу припомнить только три статьи в академической печати за последние пять лет, в которых было четко выражено и обосновано, что концепция «выхода из Африки» не имеет фактически никаких оснований, кроме фантазийных и нахрапистых. Все три статьи вышли в журнале *Advances in Anthropology* – первая статья вышла в 2012 году (Klyosov, Rozhanskii), вторая в 2013 году (Bednarik), и третья в 2014 году (Klyosov). Статьи не остались незамеченными, они были просмотрены (по данным журнала) соответственно 128 371 раз, 18 819 раз и 13 595 раз, и их скачали 28 702 раз, 7 289 раз и 5 193 раз (на конец января 2018 года). Но цитировали их относительно мало – 20, 3 и 9 раз, соответственно. В общем, понятно, почему – все та же уродливая стена является причиной. Если цитировать – надо мысль развивать, а это в современной академической науке приветствоваться не будет. Ничего, подождем. Во всяком случае, ни одной негативной ссылки нет, никто не возражал.

### **Геномная статья первая**

Возвращаемся к тому, что директор НИИ описывает, как он видит результаты и выводы упомянутых трех статей. Итак, статья первая (Mallick и др., *Nature*, 2016), профинансированная грантом НИИ в Гарвардскую медицинскую школу (ведущий автор – David Reich). Анализировали геномы 300 человек из 142 различных популяций по всей планете. По сообщению авторов, предки всех современных людей начали расходиться на различающиеся популяции еще 200 тысяч лет назад, и примерно 100 тысяч лет назад они уже имели «значительные генетические различия между собой». Напомним, что эти данные не для ископаемых ДНК, а для современных африканцев, то есть уже пошли интерпретации. Если же взять геномы современных людей за пределами Африки, то их генетические различия начинают проявляться примерно

50 тысяч лет назад. Авторы интерпретируют это так, что именно тогда произошел «выход из Африки». Разумеется, никаких гаплогрупп авторы не упоминают, так что носители какой именно гаплогруппы вышли из Африки так и осталось неизвестным.

Мой комментарий – в принципе, датировку 50 тысяч лет для начала «генетического расхождения» неафриканцев можно сопоставить с данными рис. 3 в этой статье, согласно которому общий предок неафриканских по происхождению гаплогрупп жил примерно 63 тысячи лет назад, или с данными нашей статьи (*Advances in Anthropology*, 2012), что датировка общего предка неафриканских гаплогрупп составляет  $64 \pm 6$  тысяч лет назад. Но это вовсе не означает, что он вышел из Африки. Может быть много сценариев «бутылочного горлышка популяции» в те времена – падение метеора, извержение крупного вулкана, глобальное похолодание или другая катастрофа планетарного масштаба. Можно напомнить, что именно в те времена, 55-65 тысяч лет назад, Антарктида была засолена, то есть ее переклестнула океанская волна, о чем свидетельствуют соли натрия в кернах льда с такой датировкой. Авторы цитируемой статьи, заметим, получили дату «примерно 50 тысяч лет» для бутылочного горлышка неафриканских популяций, и решили, что это следствие «выхода из Африки». Других возможных вариантов не упоминали. Понимаете, в чем разница между данными и интерпретацией?

Далее директор упоминает о дебатах между генетиками в отношении того, когда должен был состояться «выход из Африки», чтобы потомки тех мигрантов-африканцев прибыли в Австралию и Новую Гвинею в те времена, которые оценивают антропологи, и что, по мнению некоторых дискутантов, выход из Африки должен был тогда состояться 120-130 тысяч лет назад, намного раньше заселения Евразии. По сообщению директора, данные Reich с коллегами не подтверждают таких ранних датировок выхода из Африки. Итог – в этой статье никаких данных о «выходе из Африки» нет. Ее обсуждение дается ниже.

### **Геномная статья вторая**

Следующая статья, о которой рассказывает директор – это работа под руководством Eske Willerslev из Копенгагенского университета, Дания (под названием «Геномная история австралийских аборигенов», Malaspina и др., *Nature*, 2016). Авторы провели анализ геномов 83 австралийских аборигенов и 25 папуасов, причем выборка достаточно равномерно покрывала и Австралию, и Новую Гвинею, и нашли, что эти популяции разделились 37 тысяч лет назад. Согласно пересказу директора, обе эти популяции вышли из Евразии примерно 58 тысяч лет назад, и это, по мнению директора (или авторов статьи) согласуется по времени с однократным «выходом из Африки».

Опять, обратим внимание на «интерпретацию». В том, что аборигены и папуасы вышли из Евразии 58 тысяч лет назад, никакой Африки нет, как и выхода из нее. Более того, в последнее время стало набирать популярность воззрение, что древнейшие люди появились на территории современного Китая, и к этому есть некоторые данные (см. ниже). Но у директора – установка, что надо притягивать выводы к Африке, что бузину в огороде непременно выращивает дядька из Киева. Замечаете, как «поддерживается» концепция «выхода из Африки»? Именно об этом я и писал выше – геном в отношении «выхода» данных не дает, и давать, видимо, не может. Это все «интерпретации», которым придается статус «факта», совместными усилиями. Так делается «широкогеномная» наука. Она же по сути попгенетика, только читателями неконтролируемая и неverifiedируемая, там выводы проверены быть не могут, только если всю работу повторить заново, что, конечно, никто делать не будет. Статья тоже обсуждается ниже.

### **Геномная статья третья**

Третья статья, о которой рассказывает директор, опубликована опять в Nature (Pagani и др.) под названием «Генетический анализ информирует о миграционных событиях в ходе заселения людьми Евразии». Она выполнена в значительной степени в Эстонском биоцентре в Тарту, и повествует об анализе 483 геномов из 125 популяций мира. Авторы опять обратили внимание на папуасов (модная нынче тема), и интерпретировали свои данные как показывающие, что был только один «выход из Африки», но заметили (интерпретировали), что по меньшей мере 2% генома папуасов может указывать еще на один, более древний выход из Африки. В изложении директора, авторы заключили, что предки современных людей жили вне Африки еще 75 тысяч лет назад.

### **Обсуждение упомянутых трех статей, как и других**

Теперь посмотрим, насколько аккуратно директор пересказывал содержание статей. Начнем с первой, под началом David Reich из Гарварда, его фамилия – последняя среди 79 авторов статьи. Так обычно принято – первым стоит тот, кто статью пишет, последним – кто всем руководит.

Понятно, что директор не мог вникать в детали расчетов и в переходы от расчетов к интерпретациям. А дьявол, как давно известно, кроется в деталях. Откуда директору было знать, что авторы статьи использовали в расчетах величину константы скорости мутации, которую они некритично «рассчитали» по одной экспериментальной точке, да еще с допущениями? Взяли данные по геному усть-ишимского человека, которому была придана датировка 45 тысяч лет назад, а за поколение

взяли – просто так – 27-31 год, и, понимая это, назвали соответствующий раздел 9.3 в Приложении к статье «Uncertainty in mutation rate and generation interval», то есть «Неопределенности в скорости мутаций и в продолжительности поколения», и действительно, рассматривали разные возможные величины скоростей снип-мутаций (в год на нуклеотидную пару) как  $3.1-4.4 \cdot 10^{-10}$ , или  $3.9-4.7 \cdot 10^{-10}$ , или  $5.2-6.0 \cdot 10^{-10}$ , но в статье без всяких пояснений использовали величину  $4.3 \cdot 10^{-10}$ . На самом деле максимально обоснованная в литературе величина константы скорости снип-мутации равна  $8.2 \cdot 10^{-10}$ , то есть почти в два раза выше. Это означает, что авторы статьи завысили свои датировки почти в два раза. А на них статья во многом строилась – и когда популяции «начали расходиться», и какие датировки получались для «коалесценции к общим предковым популяциям». Никакого «выхода из Африки» в статье в самом деле не показано, это просто общие интерпретации, то есть общие разговоры.

В отношении австралийских аборигенов было уклончиво сказано, что «их предки вышли оттуда же, откуда и другие неафриканцы», и это же помещено именно в таком виде в Абстракт. В Абстракте про «выход из Африки» вообще ни слова нет, вместо этого слова, что африканцы «дивергировались», то есть расходились, видимо, в пределах Африки. Остальное – слова про «примеси» (admixtures) между разными популяциями, и про небольшие якобы примеси неандертальских и денисовских геномов в неафриканцах, особенно в Восточной Азии (4% и 3% соответственно). Но это не имеет отношения к теме настоящей статьи, там еще много нужно разбираться. Все это перемежается названиями компьютерных программ, которые были использованы при расчетах, как выясняется, с неверными константами скоростей мутаций. Статья, как принято у «широкогеномных популяционистов» написана крайне небрежно и запутанно, например, сообщается о том, что у неафриканцев наблюдается «бутылочное горлышко» популяции с датировкой 40-60 тысяч лет назад, но это дается со ссылкой на вдвое заниженную константу скорости мутации, что должно приводить к датировке в 20-30 тысяч лет назад, совершенно нереальной и неверной. Но при этом сообщается, что это «совместимо с археологическими свидетельствами распространения современных людей в Евразию в этот период». Никаких ссылок на источники при этом не дается, что за «археологические свидетельства» – непонятно, таких вообще в природе нет. Вот такая наука.

В отношении «отделения австралийских аборигенов и папуасов от других популяций» авторы сообщают, что они скептически относятся к соответствующим датировкам, потому что они обнаружили, что они, датировки, зависят от того, какой метод расчета используется, и какие скорости мутации применяются. Вот такая наука. Итог – никаких новых

или каких-либо других данных по «выходу из Африки» в статье Reich и др. (2016) нет.

Вторая работа в списке из трех, которую пересказал директор (Malaspinas и др., 2016), имеет 75 авторов, последним опять стоит начальник, Eske Willerslev. В своем основном выводе статья более прямолинейна, чем осторожный пересказ директора. Если директор сообщает, что предковая популяция австралийских аборигенов и папуасов вышла из Евразии примерно 58 тысяч лет назад, что «согласуется» по времени с однократным «выходом из Африки», то сама статья формулирует (начиная с Абстракта) – *«австралийские аборигены и папуасы отделились от евразийцев 51-72 тысячи лет назад, что последовало за однократным распространением из Африки»*. Как обычно, изложение «широкогеномных» популяционных косноязычно, и из приведенного пассажа неясно, что последовало «за однократным распространением из Африки» – отделение от евразийцев? Или, может быть, заселение Евразии потомками африканцев?

Ну да ладно, хотя при чтении «широкогеномных» статей складывается устойчивое впечатление, что автор текста (обычно это бывает один из всего авторского коллектива) намеренно выражается неясно, запутанно, косноязычно, поскольку сам не знает, как там оно было, и замечает следы. Или пытается сохранить максимальные возможности к дезавуации, если такая формулировка кому-то представится более мягкой. Не будем ловить авторов статьи по всему тексту, там этих косноязычий и неопределенностей масса, сосредоточимся на датировках и «выходе из Африки», как это там было показано. Кстати, повторю опять, что если бы авторы рассматривали **гаплогруппы** мигрантов и их потомков, которые нетрудно выявить из «широкогеномных данных», как и гаплотипы любой протяженности, описание было бы несравненно более определенным. Но в задачи «широкогеномных» определенность не входит, иначе основные положения сразу рассыпались бы. Так, у папуасов (Папуа-Новая Гвинея) основной гаплогруппой является М (от трети до двух третей мужского населения, остальное – набор минорных по количеству гаплогрупп) (Mona и др., 2007), там проживают 1.2-2.4 миллиона носителей гаплогруппы М. А вот в довольно большой выборке из 657 австралийских аборигенов гаплогруппу М нашли всего у шести человек, что составляет 0.9% от всех (Nagle и др., 2015). У австралийских аборигенов широко представлена гаплогруппа С, а именно С1b2b-М347 (Nagle и др., 2015). Если бы авторы «широкогеномной» статьи рассмотрели гаплогруппы Y-хромосомы, им пришлось бы объяснять, что за «общие предки» папуасов и австралийских аборигенов, и какая гаплогруппа у них была, и выводы статьи определенно поехали бы в другую сторону.

Там на самом деле ситуация еще хуже, потому что в процитированной

статье (Nagle и др., 2015) сообщалось, что при изучении гаплогрупп австралийских аборигенов более половины аборигенов были признаны «ненастоящими», их гаплогруппы оказались «пришлыми», причем относительно недавно. Интересно, геномы каких аборигенов изучались авторами «широкогеномной» статьи, «настоящих» или «недавно пришлых»? А вот, сами авторы пишут – *«геномы австралийских аборигенов представляют в основном смесь с европейскими»*. Но как это повлияло на выводы и датировки авторов? На интерпретацию об «однократном выходе из Африки»? В их методологиях так много подводных камней и течений, что относиться к их результатам и выводам можно только с изрядной долей скептицизма, и само изложение ими текстов статей это только усиливает. Как можно в такой ситуации уклоняться от приведения гаплогрупп и гаплотипов – можно только удивляться. Это уже не ошибка, не недосмотр, это – научное преступление.

В этой связи будет уместным упомянуть, что несколько месяцев назад состоялся продолжительный разговор между мной и Eske Willerslev, руководителем цитируемой «широкогеномной статьи». Основной вопрос, который я поставил перед Эске, был именно в том, почему «широкогеномные» не приводят и не обсуждают гаплогруппы и гаплотипы объектов своих исследований? И я привел в качестве нескольких примеров явные «проколы» их геномных исследований – и по «мальчику из Мальты», родственников которого совершенно безосновательно «отправили» в Америку, и по «индоевропейцам» ямной культуры, и по «фермерам» Ближнего Востока и Ирана, которых столь же безосновательно отправили в евразийские степи, и по ариям Индостана, прибытия которых «широкогеномным» так и не удалось ни датировать, ни сколько-нибудь внятно описать. И я привел Эске совершенно простые аргументы, как заиграли бы «широкогеномные» работы, и как их выводы стали бы аргументированы, если бы они вытащили из своих же данных гаплотипы и гаплогруппы.

В ходе разговора, точнее, в самом его начале, выяснилось, что Эске имеет совершенно приблизительное понятие о гаплогруппах Y-хромосомы. Если точнее, то не более, чем «слышал» о них. Он постоянно называл их в ходе разговора «митохондриальными». Пришлось объяснять. Когда понял, Эске пришел в восторг, и сказал, что это надо непременно сделать, и пообещал дать команду своим сотрудникам выявить гаплогруппы и гаплотипы по тем же геномным данным, что у них есть, и выслать мне для рассмотрения и анализа. Договорились через три недели встретиться уже коллективом, с его сотрудниками, и обсудить полученные данные. Через некоторое время от Эске пришло сообщение, что он посоветовался с сотрудниками, и они его убедили, что ничего этого делать не надо. Гаплотипы и гаплогруппы не нужны. На этом общение прекратилось.

Меня это несколько не удивило. Выше я уже приводил поговорку – «меньше знаешь, лучше спишь». И в самом деле, совершенно очевидно, что с гаплогруппами и гаплотипами в руках станет совершенно ясно, что многие полученные ранее данные и выводы нужно пересматривать и, скорее всего, снимать, статьи отзывать. И станет очевидно, что данные по гаплогруппам и гаплотипам во многих случаях намного информативнее и точнее, чем данные «широкогеномного» анализа. А лучше всего – эти данные анализировать вместе, в совокупности, в синергизме, так сказать. Но это в корне меняет методологию «широкогеномных», а зачем это им? История с популяционной генетикой повторяется. Это уже не наука, это ментальность тех, кому «нэ трэба».

Но возвращаемся к статье Willerslev и др. (Malaspinas и др., 2016), и поинтересуемся, как именно там показано, что был «однократный выход из Африки». С остальным мы уже практически разобрались выше. Статья начинается с серии противоречий, натяжек и неверных заявлений, что опять же обычное дело для «геномных» статей. Сообщается, что Сахул (древний единый континент, объединяющий современные Австралию, Тасманию и Новую Гвинею) заселился (опять используется уклончивый термин – не прямой «заселился», populated, a settled, что может означать «устоялся», и относиться к разделению Сахула на территориальные части) 47-55 тысяч лет назад.

Мое примечание – это могло произойти в результате глобальной катастрофы, связанный с падением метеора в Тихий океан более 50-60 тысяч лет назад, о чем упоминалось выше. Но тогда маловероятно, что люди там выжили, и это могло быть причиной прохождения человечеством, во всяком случае, неафриканским, «бутылочного горлышка» популяции 64±6 тысяч лет назад (см. выше).

Далее в статье сообщается о гипотезе, высказанной в 1994 году, что предки папуасов и австралийских аборигенов покинули Африку ранее, чем предки современных евразийцев, что это основывается на данных археологии и по ископаемым костным останкам, и дается ссылка (Lahr и др., 1994). На самом деле статья по ссылке дискуссионная, своих данных там нет, рассуждения уклончивые, в частности, о том, что из Африки были скорее многократные «выходы» человека, что модель «выхода из Африки» противоречива и страдает отсутствием конкретных данных, что с ней имеются проблемы, а в заключении статьи говорится «мы полагаем, что модель «выхода из Африки» не объясняет хронологическую и географическую картину диверсификации (человека)». В отношении Австралии и Меланезии в статье 1994 года имеется всего один абзац, в котором про Евразию вообще ничего нет, так что цитата в «геномной» работе искажена. Но это для «геномных» статей обычное дело, в них

цитаты, данные, выводы обычно подгоняются под ту концепцию, которая в данное время нужна.

Что же есть в статье 1994 года про Австралию? Что первые примитивные каменные изделия там найдены с датировкой 60 тысяч лет назад, затем имеется разрыв в находках на протяжении 20 тысяч лет, и начиная с 40 тысяч лет назад число археологических находок и мест быстро распространяется по Австралии. Возможно, пишут авторы, что это отражает прибытие людей в Австралию со стороны. Как мы видим, авторы «геномной» статьи (2016) сочиняют, что якобы цитируемая ими статья говорит, что будущие австралийские аборигены и папуасы прибыли туда еще ранее того, чем другие прибыли в Евразию. К тому же еще в 2015 году вышла статья, в которой детально описаны находки древнего человека на территории современного Китая не позднее 80 тысяч лет назад (Liu и др., 2015). Мы к ней вернемся позже. Она полностью перечеркивает фантазии «широкогеномных» и о «выходе из Африки современного человека» 50-60-70 тысяч лет назад, и о заселении Австралии раньше, чем Евразии, и... да, собственно, из их основных выводов ничего не остается, а их данные, как впрочем и так ясно, просто подогнаны под заданные выводы.

Так все же, как в «широкогеномной» статье показано, что был «однократный выход из Африки», и когда он был? А никак не показано, это они тоже придумали, а директор повторил, не разбираясь. На самом деле показывали не наличие «выхода из Африки», а взаимоотношение «генома австралийских аборигенов» с «евразийским геномом», вычитая из них «африканский геном» или «усть-ишимский геном». При этом полученные после вычитания данные *«предположили»* (suggested) (как пишут авторы), что *«африканский и усть-ишимский геномы ближе к евразийцам, чем к австралийским аборигенам»*. После этого тут же, следующей фразой в статье, делается перескок к положению – *«эти данные согласуются с тем, что предки евразийцев и австрало-папуасов вышли из Африки двумя независимыми волнами»*. Как «согласуются», почему, на каком основании – ответа нет, ссылок на расчеты нет, просто фраза. И затем уточняется – *«Однако, когда проведена корректировка на небольшое количество примеси от денисовцев, тогда (современные) австралийцы-аборигены и евроазиаты оказываются одинаково близко к (древнему, 45 тысяч лет назад) усть-ишимцу, что ожидается в случае сценария однократного «выхода из Африки»*. Замечательно, не так ли? А для однократного (или любого другого) выхода из Китая, например, не «оказывается»? Или с Кавказа? Или с Ближнего Востока? Или из Сибири? Или из Малаховки? Или, не к ночи будет сказано, от древних укров не ожидается?

Вот и все «доказательство» выхода из Африки. Такая у них наука. Формулируется желаемый ответ, и по него подгоняется. Теперь о том, когда этот «выход» якобы произошел. О, это акробатика. В одном



действию (которое, правда, воспроизвести и проверить невозможно) определяют и датировки, и число выходов (один был, или несколько). В данном случае определяли время и число не просто «выходов из Африки», а именно направленных в сторону папуасов-австралийцев. Как делятся авторы, «we used the observed SFS in a model-based composite likelihood framework», что само по себе смысла в переводе (да и в оригинале) не имеет, это набор кодовых слов-сокращений, а по сути формализованная компьютерная обработка данных, пока опробованная только на «расхождении внутри-африканских популяций», типа йоруба и сан, дается ссылка (Excoffier и др., 2013). Ну, получили авторы в цитируемой статье, что йоруба и сан разделились «больше 110 тысяч лет назад», и вынесли в Абстракт, но это не проверка метода. Получили бы 50 тысяч лет, или 200 тысяч лет, тоже бы вынесли в Абстракт. Проверяют на том, что получено независимыми методами, но это же популяционная генетика, вы что хотите?

В итоге авторы «геномной» статьи (2016) заключили, что «*потока генов из Африки в Евразию больше не было после однократного выхода (анатомически современного человека) из Африки*». При этом сначала опять получили, что было два «выхода» (правда, потому, что в расчеты закладывали только два варианта – один выход или два, но вот чтобы не было ни одного – не закладывали, а стоило было, наверняка получили бы самые надежные данные), и что в Австралию мигранты пришли на 14 тысяч лет раньше, чем в Евразию, а потом вычли вклады неандертальца и денисовца, и получили, что был только один «выход», 72 тысячи лет назад. При этом, как водится, из набора снипов при расчетах вычитали геном шимпанзе из зоопарка, не указывая, что надо было вычитать не из зоопарка, а того, кто был общим предком будущих шимпанзе и человека (генома такого пока нет), и того, что у того, из зоопарка, имеется примерно 464 тысячи лишних мутаций по сравнению с тем, кто жил пять миллионов лет назад (Клёсов А.А. Ваша ДНК-генеалогия, 2016, стр. 22), и все эти сотни тысяч лишних мутаций автоматически вычитаются из геномов при расчетах авторами «широкогеномной» статьи.

Вполне возможно, что в результате такого безумного вычитания неучтенных сотен тысяч снипов и появляются в наших предках и неандерталец, и денисовец, и кто угодно, потому что так делать нельзя. Но проверить это, повторяю, невозможно, нужно всю работу переделывать заново (получится, конечно, уже нечто совсем другое), но кто этим будет заниматься? Это же не ДНК-генеалогия, которую из-за ее прозрачности возненавидели популяционисты. У нас записывается серия гаплотипов, это максимум (пока) 111 чисел в каждом, определяется базовый гаплотип (можно определять вручную или автоматически, на калькуляторе Килина-Клёсова), подсчитывается число мутаций в гаплотипах (опять, или вручную или автоматически), делится на число гаплотипов и на табличную константу скорости мутации. Все это можно

делать вручную или автоматически, все легко проверяется и контролируется. И получается ответ, когда жил общий предок серии гаплотипов. А гаплогруппы-субклады показывают, есть ли между группами гаплотипов наследственная связь, и часто легко определить, кто в какую сторону шел. Вот так и показано, буквально в один ход, что гаплогруппа В из гаплогруппы А никак не могла возникнуть, хотя популяционисты твердили об этом десятилетиями. А основная австралийская гаплогруппа С1 никак не могла выйти из Африки, хоть ее пытай. Да и никакая другая гаплогруппа не могла, чтобы она была в Y-хромосомах наших современников. А «вышла, упала, очнулась, гипс» – таких историй можно придумать сколько угодно, только их общенаучный принцип Оккама запрещает – «не привносить лишних сущностей».

Так что и вторая «широкогеномная» статья, о которой рассказывал директор, который выдавал для нее гранты, тоже в отношении «выхода из Африки» оказалась пустышкой. Гранты – дело хорошее, в том числе и для «широкогеномных», пусть науку развивают, но только желательно не такую науку. Не ангажированную, не выдавая желаемое за действительное, не манипулируя и не подгоняя данные, результаты, выводы.

Взглянем теперь на третью статью, которую описывал директор НИИ, хотя гранта на нее не выдал. Но всё равно был впечатлен. Напомню, что эта работа была инициирована в Эстонском биоцентре в Тарту, и хотя в статье 98 соавторов из 74 организаций, 22 автора так или иначе связаны с эстонскими учреждениями, и включают президента Эстонской Академии наук. Впрочем, все статьи эстонских генетиков его включают. Эстонские авторы заняли почетные последние места в списке авторов, отгеснив даже Eske Willerslev и испортив ему традиционное последнее место. Итак, они тоже объявили, что данные статьи показывают, что был «только один выход из Африки». Посмотрим, как они это показывали.

Статья является, наверное, наиболее запутанной и «вязкой» из всех, что мне приходилось читать. Возможно, что ее писали (или исправляли) все 98 соавторов, каждый со своим стилем, но в тексте частят нестыкуемые в смысловом отношении фразы, положения, противоречащие друг другу, или настолько уклончивые, что проследить смысл практически невозможно. В статье и приложениях около сотни раз повторено слово «гаплотип», но ни в одном случае определения не дано, хотя определения у этого понятия разные в разных контекстах. Например, у генетиков «гаплотип», он же «гаплоидный генотип» – это группа генов, которые наследуются от одного родителя. В ДНК-генеалогии «гаплотип» – это совокупность аллелей, то есть определенных повторов в маркерах Y-хромосомы, генов там нет (кроме пары редких, экзотических случаев мультимаркерных аллелей). В популяционной генетике используется

подобное определение, только вместо «маркеры» они обычно говорят «локусы». Так вот, в цитируемой статье авторы оперируют «гаплотипами» в смысле, видимо, «группы генов», но почему-то относят «более короткие гаплотипы» в геномах папуасов и филиппинских негритов к «африканским», хотя видят те же «гаплотипы» «в других неафриканских популяциях», и пояснений не дают, кроме того, что у первых «они более короткие». Этим «гаплотипам» они приписывают свои «скорости мутации», у всех разные, и строят бесконечные графики, и так по всей статье.

Вводят термин хОоА, что означает выродившуюся, исчезнувшую линию первых «вышедших из Африки», по мнению авторов, образовавшуюся в Африке после расхождения между «современными людьми и неандертальцами». То, что во время этого расхождения, 400-600 тысяч лет назад, «современных людей» не было, авторов не беспокоит, они про это и не упоминают. Но на этом «основании» все скелетные остатки «анатомически современного человека», найденные вне Африки с датировками ранее 75 тысяч лет назад, относят к потомкам «вышедших из Африки». А знаете, почему именно 75 тысяч лет? Потому что перед подачей их статьи в печать вышла статья китайских авторов (Liu и др., 2015), описывающих находку *Homo sapiens* в Китае с датировкой не позднее 80 тысяч лет назад. «Широкогеномная» статья (Pagani и др., 2016) тут же ее цитирует, и сообщает, что тот *Homo sapiens* «вышел из Африки», хотя китайские авторы Африку в такой связи вовсе не упоминают, а напротив, полагают, что древнейший *Homo sapiens* произошел в южном Китае. Датировку же они для своей находки дают между 80 и 120 тысяч лет назад.

Понимаете, какая мука читать эти вязкие, маловразумительные статьи, в которых идут постоянные жонглирования с данными и предположениями, тут же выдаваемыми за выводы? И это в статье, в которой 98 авторов. Датировку китайской находки костных останков *Homo sapiens* в 120 тысяч лет назад они, 98 авторов, объявляют, что это следы «вышедших из Африки», которые потом вымерли, причем эта «гипотетическая линия вышла из Африки примерно 120 тысяч лет назад». Почему вымерли – а потому, что «генетический анализ показывает, что из Африки был только один «выход». Всё, круг замкнулся.

Есть и еще забавные пассы – в заключении к третьей статье «широкогеномные» авторы (2016) пишут, что древнейший «выход из Африки» 120 тысяч лет назад (тот самый выход хОоА по терминологии авторов) «согласуется с археологическими находками и ископаемыми костными останками, свидетельствующими о раннем выходе *H. sapiens* из Африки», и дают ссылку на ту же китайскую работу, в которой вместо «выхода из Африки» говорится про возникновение *Homo sapiens* в Южном Китае. Но такие манипуляции «широкогеномных» удивления

тоже не вызывают, мы уже привыкли. Вот еще пример – «широкогеномные» авторы цитируют, что на Алтае нашли якобы свидетельства смешивания (admixture) «анатомически современного человека и неандертальца ранее 100 тысяч лет назад» (ссылка на статью Kuhlwilm и др., 2016), и тут же сообщают (в заключении к статье), что это произошло «заметно ранее основного выхода из Африки 75 тысяч лет назад». Как и то заявление «широкогеномных» авторов (Pagani и др., 2016), что «высокое геномное сходство между папуасами и алтайским неандертальцем может отражать то, что у них присутствует обобщенный хОоА компонент». Каждое лыко в строку. То, что если «компонент» может быть китайским или любым другим, источник которого пока не обнаружен, «широкогеномным» в голову не приходит. Сказано в морг, значит в морг.

Так вот, никаких других свидетельств, и тем более доказательств «выхода из Африки» в статье (Pagani и др., 2016) нет. Все манипуляции происходят на уровне декларируемого «сходства гаплотипов», получаемых многэтажными сложениями, вычитаниями, искажениями цитат, причем уровень манипуляций впечатляет – находят «сходство» в геноме папуаса и евразийца, и тут же утверждают, что у евразийца – от африканца, просто по определению, значит, и у папуаса от африканца. Такая у них наука.

### **Ранний *Homo sapiens* в южном Китае**

Мы дошли до важной (по признанию в литературе) статьи под названием «Самые ранние без сомнения современные люди в южном Китае» (Liu и др., 2015). Здесь словосочетание «современные люди» не должно смущать, типа какие же «современные» 80-120 тысяч лет назад? «Современные» здесь – это от клише «анатомически современные люди», то есть обладающие принципиальными антропологическими особенностями *Homo sapiens*. Людей (*Homo*) с выраженными или заметными архаичными признаками к *Homo sapiens* обычно не относят, или относят с разными оговорками, в зависимости от степени выраженности этих признаков. Поскольку у скелетов часто отсутствуют лицевые кости, то отнесение к «анатомически современным» нередко затруднено, чем и пользуются многие охочие до манипуляций специалисты. Иногда отнесение производится по зубам, как в статье Liu и др. (2015), поэтому китайские авторы уделили этому особое внимание.

Эта статья не является геномной, она антропологическая, поэтому мы просто кратко перескажем ее суть. Дело в том, что в юго-восточной Азии находки древних людей с датировками ранее 45 тысяч лет назад крайне редки, поэтому этот регион был практически списан погнетиками со счета в отношении происхождения «анатомически современного человека», и все внимание ими было уделено Африке. Эти же

датировки, 45 тысяч лет назад, пока являются предельными и для Европы (западной и восточной) и для западной Сибири (усть-ишимский человек, Омская область). И вдруг как гром среди ясного неба прогремели данные о находке в южном Китае (Фуянская пещера) 47 зубов человека с датировками в интервале 80-120 тысяч лет назад, причем человека определенно вида *Homo sapiens*, не архаичного (по морфологии зубов), а что ни на есть современного по зубной антропологии. Это – намного ранее, чем в Леванте и Европе. Авторы работы выдвинули предположение, что *Homo sapiens* появился в южном Китае. По принятым в науке критериям спорить с этим бесполезно; чтобы возражать, надо представлять более убедительные данные. Что показательно, в статье китайских авторов вообще ничего не говорится о «выходе из Африки», и последняя концепция зашаталась.

Разумеется, активисты «выхода из Африки» бросились подставлять подпорки в свою «теорию». Мы уже видели выше, как «широкогеномные» популяционисты тут же разработали модифицированную концепцию, что «выход из Африки» произошел ранее, чем предлагавшиеся ранее 70 тысяч лет назад (которые тоже не были определены расчетами, опять просто взяты с потолка), и хотя ДНК из зубов Фуянской пещеры еще никто не изучал, но уже настойчиво предполагается, что они «африканские» по происхождению. Оперативно вышла короткая статья-обсуждение (под названием «*Homo sapiens* в Китае 80 тысяч лет назад») в журнале *Nature* (Dennell, 2015), которая уже в первой фразе сообщает, что человек вышел из Африки и прошел в миграции по Южной Азии, но дебаты ведутся не об этом, а о том, когда он вышел. Замечаете, что датировка 120 тысяч лет назад в названии статьи уже отсутствует? И дальше идет обсуждение в том ключе, что *«большинство исследователей согласны в том, что наш вид впервые возник в Восточной Африке 190-160 тысяч лет назад, и затем распространился в восточное Средиземноморье между 100 и 60 тысяч лет назад»*. В эту же концепцию автор пересказа монтирует последние китайские данные, хотя они в своей статье про «выход из Африки» не упоминают. И это очень показательно – концепция «выход из Африки» стала религией либеральной интеллигенции, и они будут ее защищать до последнего любыми методами, в том числе (и в первую очередь) методами неэтичными, недостойными.

## **Другие статьи**

Из многих статей, в которых рассматриваются Y-хромосомные данные африканцев и неафриканцев (для 1244 человек из 26 популяций по всей планете, по данным «Проекта 1000 геномов») есть, наверное, только одна, в которой авторы не упомянули «выход из Африки» (Poznik и др., 2016). Хотя в статье 42 автора, но в авторах нет ни Reich из Гарварда, ни Wellerslev из Дании, и авторский коллектив совершенно другой, чем у

первых двух. Не исключено, что мы видим некое несогласие, или даже раскол между крупными авторскими коллективами в отношении концепции «выхода из Африки». Разница есть и в том, что в работе (Poznik и др.) изучали Y-хромосому, а не «широкий геном» поперек всех хромосом, как в двух других коллективах, что делает исследование более конкретным и четким. Есть еще одна особенность исследования Позника с коллективом – они подчеркнули неафриканское происхождение гаплогруппы E, о чем, кстати, давно сообщалось в наших статьях (начиная с Klyosov & Rozhanskii, 2012, *Advances in Anthropology*), опять выступив в противовес не только «широкогеномным» популяристам (например, Lazaridis и др., 2016), но и справочному материалу ISOGG-2017, в которых традиционно, на протяжении более десяти лет, сообщают об африканском происхождении гаплогруппы E, причем, как принято у популяристов, главным аргументом выдвигается «высокая концентрация и разнообразие субкладов гаплогруппы E в северной Африке», [ССЫЛКА](#). Позник с соавторами пишут более определенно – содержание гаплогруппы E в Африке высокое, но происхождение неафриканское.

Взглянем на несколько недавних статей, в которых рассматривается «выход из Африки», но без приведения геномных данных. Некоторые статьи новых данных вообще не приводят, но начинают изложение со стандартной фразы «человека вышел из Африки и заселил мир» (как, например, Demenocal & Stringer, *Nature*, 2016). Есть статьи более осмысленные, например, статья шведского автора (Arnason, 2016) в журнале *Gene*, посвященная критическому рассмотрению текущей ситуации с «выходом из Африки». Основное ее положение – что в недавние годы появились новые палеонтологические данные о ранних представителях вида *Homo* в разных регионах мира, включая данные о денисовцах, неандертальцах, находки китайских авторов (Liu и др., 2015), которые не согласуются с концепцией «выхода из Африки». Центр тяжести гипотезы о регионе происхождения *Homo sapiens*, по мнению автора, стал перемещаться в Евразию. В заключении своей статьи (Arnason, 2016) пишет – «Геномные и палеонтологические данные показывают, что расхождение предков современных людей и неандертальцев могло произойти в Азии», и далее «эти данные делают допущения, лежащие в основе «выхода из Африки» в высшей степени проблематичными», в частности, потому что «у «выхода из Африки» нет доказательств такого уровня, какие есть у генетики и палеонтологии евразийских находок».

Этой статье вторит работа Groucutt и др. (2015) под названием «Пересмотр распространения *Homo sapiens* из Африки», авторы которой пишут – «Находки в южной Азии имеют потенциал радикально трансформировать наше понимание этого распространения», хотя начинают статью с того, что «современные ископаемые костные останки, генетические и археологические данные указывают, что *Homo sapiens* образовался в Африке». Но статья далее переходит к обсуждению слабых мест этой концепции,

перечисляя «неопределенности в хронологии» и «характере выхода из Африки», в частности наиболее часто повторяемой датировки «выхода»  $50 \pm 10$  тысяч лет назад (цитируются обзоры 2007, 2009, 2013 гг., содержащие совокупное рассмотрение основных данных, составляющих основу «концепции»), а также о фактическом отсутствии данных по «продолжению» миграционного пути, культурных и биологических признаков «вышедших из Африки». Действительно, таких данных нет, это практически все фантазии, призванные заполнить разрыв между «вышедшими из Африки» и «пришедшими» в Европу, Азию, Австралию. Выше в этой моей статье уже сообщалось, что есть подобный разрыв и в отношении Y-хромосомных гаплогрупп, в Африке одни «свои» гаплогруппы, за пределами Африки они уже другие, причем не выводятся из «африканских». Из известных «африканских» гаплогрупп (группы А), обнаруженных в Африке, не выводится ни гаплогруппа В, и никакие другие гаплогруппы. Из гаплогруппы В, которая по происхождению не может быть причислена к «африканским», хотя сейчас в Африке встречается (как, впрочем, и многие другие гаплогруппы, «перебравшиеся» в Африку), тоже не выводятся другие гаплогруппы, так что даже предполагаемое помещение гаплогруппы В по происхождению в Африку ничего в этом отношении не изменит.

Статья Groucutt и др. (2015) не содержит геномных данных или вообще своих данных, она представляет собой обзор данных, уже давно, как правило, имеющихся в научном обороте. Но показательно, что при изложении старых догм и воззрений антропологии (сам журнал носит название *Evolutionary Anthropology*, то есть «Эволюционная антропология»), даже единичный новый факт, а именно находка в Китае костных останков (зубов) с датировкой 80-120 тысяч лет назад, заставляет авторов усомниться в положении устоявшихся представлений. Это весьма характерно для всей конструкции «выхода из Африки», которая стоит на шаткой, в основном надуманной основе, скрепленной натяжками и голыми предположениями, которым уже более двадцати лет настойчиво придается статус «фактов». В науке есть довольно четкое понимание, где натяжки, а где надежные обоснования, и для различения этих понятий есть многократно выверенный критерий – **если каждый новый факт, находка, новая интерпретация сотрясают концепцию и бросают многих специалистов к ее пересмотру, то эта «концепция» строится на натяжках и сомнительных положениях.** Особенно если «концепция» имеет сильную идеологическую компоненту. Именно такой является «выход человечества из Африки».

Аналогичный по сути обзор данных по «широкогеномным» данным написал и коллектив авторов, который опять возглавил Eske Willerslev из Дании, в статье уже 2017 года (Nielsen и др., *Nature*). Все авторы в статье являются ведущими популяционными генетиками мира, которые на

протяжении последних 30 лет поддерживали концепцию «выхода из Африки» разнообразными подпорками и натяжками, поэтому трудно было бы ожидать от них пересмотра своих взглядов, точнее, убеждений. Так получилось и на этот раз. Уже в Абстракте обзора они перечисляют «прорывы», совершенные в науке о происхождении человека, в особенности, на их взгляд, о геномном смешивании (interbreeding) «анатомически современного человека» и «исчезнувшими гомининами», и о «более детальном описании выхода современных людей из Африки и их распространении по планете».

Мой комментарий – как уже ясно из моей статьи выше, это «фейковые новости», говоря треновыми словами Трампа. Вязкие и уклончивые описания результатов «геномных исследований» объявляются в статье (2017) «прямыми проверками теорий происхождения человека», «принятием ранее выдвинутой гипотезы “выхода человека из Африки”», «подтверждением ранее выдвинутых мейнстримных теорий». В статье опять повторяется старое заблуждение, что «максимальное генетическое разнообразие человека в Африке» якобы подтверждает, что человек зародился в Африке и оттуда заселил всю Землю. Это заблуждение уже обсуждалось выше. То, что авторы специально отмечают «самый глубокий генетический раскол между группами населения в южной Африке», не имеет никакого отношения к «выходу из Африки». Например, между гаплогруппами A00 и A0 в Африке действительно имеется очень глубокий «раскол», он показывает, что их общий предок жил примерно 217 тысяч лет назад (Kilin & Klyosov, *Advances in Anthropology*, 2016), но ни та, ни другая гаплогруппа из Африки не выходили, и обе являются «тупиковыми» в том отношении, что никакие другие гаплогруппы, в том числе и неафриканские, от них образоваться не могли. Вызывает сожаление, что крупные популяционные генетики, «геномные» или нет, не могут или не хотят разобраться в базовых вопросах происхождения человека. Они пишут «точное происхождение анатомически современного человека в Африке остается неизвестным», но термин «точное» в сочетании с дальнейшим «в Африке» может вызвать только снисходительную улыбку. Сон разума порождает чудовищ, как давно было сказано. Здесь чудовищно то, что специалисты (которые, как опять же известно, подобны флюсу) загоняют себя в такие догмы, из которых выхода для них просто нет. Но это для них. Наука отряхнет с себя эту шелуху типа «выход из Африки» и двинется дальше.

В заключение упомяну про короткое сообщение на «Ленте.ru» под названием «Стали известны подробности расселения первых людей из Африки», вышедшее 9 марта 2017 года. Вообще-то популярные сообщения подобного рода я не читаю, поскольку буквально ни одного правдивого не встречал. Всегда набор искажений исходного источника. Но эту заметку прислали, спросив, что я об этом думаю. Ну что я могу думать, когда никаких «подробностей первого расселения первых людей



из Африки» в заметке нет, как, впрочем, нет и в исходном источнике (Tobler, Nature, 2017). Про «подробности» – это Лента.ru сама придумала. Более того, слово «Африка» появилось в заметке только один раз, и это самое последнее слово в самом последнем предложении статьи, цитирую – *«Австралийцы, таким образом, были одними из первых поселенцев за пределами Африки»*. Неплохо, не так ли? То есть между Африкой и Австралией никаких «поселенцев» просто не было, так? Пролетели в Австралию на виманах? Там же заметка сообщает, что *«первые люди достигли территории современной Австралии примерно 50 тысяч лет назад»*, и что *«в Евразии (точнее, Азии) современный человек появился 47-65 тысяч лет назад»*. Все видят нестыковку? В Азии, стало быть 47-65 тысяч лет назад, а в Австралии, где были «первые поселенцы за пределами Африки», примерно 50 тысяч лет назад, то есть заметно позже, чем в Азии. То, что еще два года назад (в 2015) было опубликовано, что в Азии (Южном Китае) человек современного типа появился еще 80-120 тысяч лет назад (см. выше в настоящей статье), авторами заметки вообще проигнорировано. Но самое забавное в том, что слова «Африка» в исходной статье в Nature вообще не было, ни разу. Но взгляните еще раз на название заметки.

Вот почему я не читаю подобные «научно-популярные» заметки. В данном случае – про якобы «расселение первых людей за пределами Африки». Вот так «Lenta.ru» распространяет ложную информацию в «научно-популярном» виде.

## **Дополнение по новым публикациям**

Естественно, статьи по «африканскому происхождению человека» продолжают выходить, новые данные продолжают публиковаться, но, как правило, они отвечают на другие вопросы, нежели «выход из Африки» или «африканское происхождение анатомически современного человека». Забавно смотреть, как авторы тех статей подгоняют свои выводы под «африканское происхождение», хотя данные не имеют к этому никакого отношения. Очередной пример – статья «Древние геномы из Южной Африки показывают дивергенцию человека между 350 000 и 260 000 лет назад» (Schlebusch et al, Science, 2017).

Авторы изучили геномы семи ископаемых скелетов из Южной Африки, с археологическими датировками около 2000 лет назад и 300-500 лет назад, и интерпретировали полученные данные как то, что современные койсанцы (см. выше) имеют от 9% до 30% генетических примесей от восточных африканцев и евразийцев. Казалось бы, причем здесь «выход из Африки»? Здесь скорее «приход в Африку», если коренные койсанцы получили генетическое вливание от евразийцев. Но авторов это не смутило. Их главный вывод – что «первая дивергенция (то есть

расхождение) в ДНК современных людей произошло между 350 и 260 тысяч лет назад». Казалось бы, при чем здесь первая фраза статьи, что «ранние следы анатомически современных людей находятся в субсахарской Африке»? На самом деле, совершенно не причем. Здесь, в выводах статьи, имеются два сбоя, которые авторы, видимо, просто не осознали. Первый – к тому же выводу ДНК-генеалогия пришла еще раньше, и, например, в статье (Klyosov and Kilin, *Advances in Anthropology* в августе 2016 года

<http://www.scirp.org/Journal/PaperInformation.aspx?PaperID=70004>

показано, что расхождение гаплогрупп А0 и А00 произошло примерно 217 тысяч лет назад, установлено при анализе мутаций в их гаплотипах, или между 209 и 235 тысяч лет назад при анализе геномных данных (Elhaik, Tatarinova, Klyosov, Graur, *Eur. J. Human Genetics*, 2014). Второй сбой – только при чем там «выход из Африки»? Это расхождение могло произойти на планете в любом месте, где именно – пока неизвестно.

Недавняя статья, вышедшая в январе 2018 года, под названием «Самые ранние современные люди» (Hershkovitz et al., *Science* 359, 456-459) повествует о находке костных остатков *Homo sapiens* в пещере Misliya в Израиле, с датировкой 177-194 тысячи лет назад. Никаких данных о том, что предки этой находки вышли из Африки, в статье нет, более того, показывается, что зубы того древнего человека отличаются (distinct) от зубов находок в Европе, Азии и Африке. Тем не менее, в статье от начала до конца повторяется про миграции (анатомически) «современного человека из Африки», что «географическое происхождение *H. sapiens* в целом рассматривается как африканское», даже если «некоторые из африканских скелетных образцов оказываются за пределами вариаций *H. sapiens* по своим особенностям». Статья заканчивается тем, что «находка в пещере Misliya значительно отодвигает датировки ранних миграций *H. sapiens* из Африки», хотя, повторяю, никакой антропологической или любой другой связи этой находки с Африкой в статье не приводится и не упоминается, а также «находка в Misliya представляет самое раннее доказательство миграций *H. sapiens* из Африки», и «она открывает дверь возможности, что расхождение *H. sapiens* из Африки могло происходить ранее, чем до этого предполагалось (вероятно ранее, чем 200 тысяч лет назад)».

Напомним, что исходным временем «выхода анатомически современного человека из Африки» было 50, 60 или 70 тысяч лет назад, по разным статьям. Под это подгонялись другие события на планете (или, наоборот, эти датировки подгонялись под другие события на планете), как, например, заселение Австралии, по оценкам примерно 50 тысяч лет назад, или датировки древних стоянок в разных концах мира. Как сообщалось выше, ни одна из тех датировок не была вычислена или определена независимо, все они были вымышленными, «взятыми с потолка». Под них же подгонялись «генетические данные», которые получались путем сопоставления геномов африканцев и неафриканцев,

причем за «африканцев» брали, например, египтян, предки которых были, как потом выяснилось, выходцами с Ближнего Востока или из Азии. Потом, по мере нахождения новых, еще более древних костных остатков, датировку «выхода из Африки» стали сдвигать в более древние времена, как 80, 90 или 100 тысяч лет назад. И все равно это был «выход из Африки». Потом находки древних *H. sapiens* в Леванте (Skhul и Qafzeh) с датировками 90-120 тысяч лет тоже записали как результат «выхода из Африки», потом к ним приплюсовали находку в китайском Daoxian (Фуянская пещера) с датировкой 80-120 тысяч лет назад, хотя авторы китайской статьи Африку вообще не упоминали. Теперь, как видим, и новую датировку *H. sapiens* 177-194 тысяч лет назад тоже записали в «выход из Африки», взяв с запасом *«ранее, чем 200 тысяч лет назад»*. Видимо, датировки «выхода из Африки» будут продолжать уходить все в более и более древние времена, просто по определению.

Хотя, показательной является недавняя статья, вышедшая в декабре 2017 года, под названием «О происхождении современных людей: азиатская перспектива» (Bae, Douka, Petraglia, Science, 2017), которая заканчивается примечательной фразой: *«Недавние находки археологии, палеонтологии человека, геохронологии и генетики показывают, что модель «выход человека из Африки», которая говорит о единственном выходе в Евразию примерно 60 тысяч лет назад, нуждается в пересмотре»*.

Ну наконец-то, задвигались.

## Комментарии на Переформате:

*В.Юрковец* говорит:

[20.03.2017 в 15:33](#)

Когда-то пропагандисты “революционного искусства” смогли убедить искусствоведов в том, что Малевич – великий художник. Сейчас по этому же принципу пытаются просунуть в массовое сознание и идею выхода из Африки. Однако сам Малевич [подсунул большую свинью под их построения...](#)

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.03.2017 в 20:48](#)

> Сейчас по этому же принципу пытаются просунуть в массовое сознание и идею выхода из Африки.

Да, этот феномен показателен. То, что ранние «доказательства выхода анатомически современного человека из Африки» были ошибочными, или, более мягко говоря, незрелыми, не удивительно, наука вся соткана из ошибочных положений, потом исправленных, причем зачастую исправляемых многоступенчато. Многие положения продолжают исправляться, и будут исправляться еще долго, если не всегда. Поэтому любой профессионал в науке прекрасно понимает, что любое сложное явление имеет много вариантов объяснений, которые на каждом этапе научного познания имеют разную вероятность достоверности.

«Классические» теории в науке потому и называются классическими, что они выдержали проверку временем, и гениальность их создателей была в том, что они с самого начала выдвинули вариант, который не смогли опровергнуть, или даже заметно изменить в ходе столетий, или хотя бы многих десятилетий. Все остальные имеют характер временный, принятый на настоящее время, но который может быть заметно модифицирован, или даже полностью изменен. Эта модификация или обоснованное опровержение могут быть начаты или продолжены когда угодно. Многие обоснованные опровержения начинаются с самого начала выдвижения принятой гипотезы или теории (как правило, никогда не принятой всем научным сообществом), но по разным причинам продолжает держаться исходный вариант. В естественных науках это бывает несравненно реже, чем в гуманитарных (отнесем историю, археологию, лингвистику к гуманитарным), потому что гуманитарные науки обычно весьма политизированы, и плохо обоснованную теорию держит идеология.

Так что то, что концепция «выхода АСЧ из Африки» была ошибочной, или – в любом случае – недостаточно обоснованной, удивления не вызывает, нормальное дело в науке. Но вот то, что она тут же была подхвачена (либеральными) средствами массовой информации, и довольно вскоре превратилась в мощный прессинг – это уже современный феномен массового промывания мозгов. Понять природу этого движения СМИ на Западе несложно, либералы были в восторге перед открывшимися перспективами пасть на колени и приносить извинения перед теми, кого унижали и нещадно эксплуатировали в недалеком прошлом. Да, конечно, унижали и нещадно эксплуатировали, но приносить науку в жертву политическим целям – это совершенно антинаучно и неэтично.

Поскольку российские либералы в силу их ментальности (и во имя корыстных целей) автоматически припадают к ногам Запада, то «выход из Африки» был вскоре подхвачен в соответствующих «научных кругах» в России. Все эти боринские, балановские, клейны, дробышевские, соколовы, бужиловы, пежемские и прочие, в силу своей ментальности, по сути далекой от науки, потому что для них идеология сильнее

научных принципов (см. первые два абзаца выше), тут же присвоили «выходу из Африки» ранг абсолюта. На Западе же так считают, а мы что? Так и без грантов можно остаться, станем на Западе «нерукопожатными»... В общем, обычная либеральная, пораженческая психология. Как результат – заняли агрессивную позицию, защищая всеми силами «выход АСЧ из Африки». Самое забавное – что это не их работы, не их статьи, не их открытия. Еще можно было бы понять, если бы они отстаивали свои собственные разработки – так ведь нет. Никто из них не вложил ни малейшего вклада в концепцию «выходы из Африки», ни одной публикации, вообще ничего. Простое попугайство, но попугайство агрессивное.

И это – хорошая иллюстрация для показа тех, кто тянет вниз российскую науку. Как и того, для чего нужны реформы в российской науке.

*В.Юрковец* говорит:

[23.03.2017 в 02:15](#)

Сразу же Зализняк вспомнился в его “праславянский язык письменности не имел, то есть письменных текстов на нём нет”. И это несмотря на то, что Библия переведена именно на праславянский язык – язык праславянской общности, когда все его “диалекты развивались параллельно и претерпевали более или менее одновременно одни и те же изменения” (Трубецкой). Так что реформа РАН давно перезрела, коли в ней процветают лингвисты столь же безграмотные, как и генетики боринские. Всё это говорит о масштабе проблемы.

*Сергей* говорит:

[23.03.2017 в 17:23](#)

Думаю, не стоит сравнивать эти две фигуры – Боринская и Зализняк, с последним можно не соглашаться, но факт, что он сделал много для отечественной лингвистики, а вот Боринская – это скоморох, не в обиду последним.

*Stas Tambià* говорит:

[20.03.2017 в 16:19](#)

Я ждал, что в этой статье будут упомянут “Y-хромосомный Адам”, которого в русскоязычной Википедии (не обращая внимания на аналогичную англ. статью с её – «Like mitochondrial “Eve”, Y-chromosomal “Adam” probably lived in Africa») навязчиво помещают в Африку. Надеюсь, что-то появится позднее.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.03.2017 в 20:51](#)

Про «Адама» – не появится. Такой примитив в статье обсуждать негоже. Сам термин «Адам» там имеет фривольный характер, а по сути совершенно неверный. Если по Библии Адам был первым человеком, созданным Всевышним, то переносить это имя на предполагаемого предка всего современного человечества (пусть и его мужской половины) совершенно и принципиально неверно. Первопредок современного мужского человечества, если такой будет найден или вообще существовал, был не один, его окружали его сородичи, и окружали миллионы лет, во времена приматов и еще ранее. Если под «Адамом» кто-то понимает не общего первопредка человечества (охватывающего род *Homo*, то есть «Люди», в том числе и эректусов два миллиона лет назад), а только вида *Homo sapiens*, видимо, 200-250 тысяч лет назад, то их тоже было много. Кто-то из тех древних людей и мог стать первопредком, один из массы своих сородичей, только потому, что его мужское потомство выжило, а от других терминировалось, и этот процесс «пошагового терминирования» мог быть растянут на десятки тысяч лет. То есть он был не «первым человеком», а «человеком из толпы». Назвать его «Адамом» – популярная вольность, а вот называть его так в научной литературе – уже непростительно. То, что называют «профанация».

Возможно, что такой общий предок был; возможно, их было несколько. Возможно, от одного образовался A00, от другого A0, от третьего A0-T, и так далее. Мы не знаем. Возможно, была целая сеть общих предков, но пока далеко не всех их потомков выявили, ведь когда будет протестирован на Y-хромосомы миллион человек (пока, видимо, до этого далеко), то и тогда это будет всего 0.03% от всех мужчин планеты.

Сделаю ссылку на популетика, это редкий случай, когда можно хотя бы отчасти согласиться. Майкл Хаммер, в относительно недавнем прошлом активный защитник концепции «из Африки», стал выражать сомнения в «выходе Африки», но стал это выражать тогда, когда стало ясно, что ситуация с «выходом из Африки» запуталась донельзя. Хаммер заканчивает свою статью в журнале «Сайнтифик Америкэн» (май 2013 года) следующими словами: «Много узлов остались нераспутанными. Но одно ясно – корни современного человека идут не только к единственной предковой популяции в Африке, но к популяциям Старого Света» (то есть Европы или Евразии – ААК). Как видим, он продолжает держаться за «единственную предковую популяцию в Африке», но уже видит «корни современного человека» не только там.

У меня негативное отношение к термину «хромосомный Адам» было

вызвано в ходе слушания радиопередачи, в которой Балановские, мать и дитя, отвечали на вопросы по попугенетике и происхождению человека, и было это лет десять назад. Я тогда и понятия не имел, что через много лет у нас будет конфликт по принципиальным вопросам. Так вот, ведущий задает вопрос, был ли общий предок человечества «Адамом», как его понимает Библия. Мать (которая постоянно забегала вперед сына с ответами, видимо, сомневаясь в его умственных способностях и толковости его ответов), забежала опять, и сказала – «да, так оно в общем и было». У меня в мозгу тут же загорелась фигуральная красная лампочка – «что же она несет?». Видимо, запротестовало естественно-научное образование. Это по сути все равно, что описать ситуацию, при которой миллионы и миллиарды молекул штурмуют высокий энергетический барьер, и какая-то проскочила через него – это описать, что была только одна эта молекула, а других не было.

Как это иногда (или часто) бывает, ощущение не подвело, как показало последующее развитие событий. Красная лампочка загоралась часто.

*Stas Tambiã* говорит:

[23.03.2017 в 16:15](#)

*>> То есть он был не «первым человеком», а «человеком из толпы». Назвать его «Адамом» – популярная вольность, а вот называть его так в научной литературе – уже непростительно. То, что называют «профанация».*

Благодарю за ответ. Думаю, что это сделано просто в пику Библии. Вроде как они-то (сторонники Y-Адама) и расскажут всему миру, как было на самом деле. Скорее всего, этот расчёт основывался на проверенной методике, что людям всегда ближе объяснения на примерах конкретных персонажей, чем абстрактные “корни современного человека”.

*Сергей* говорит:

[20.03.2017 в 22:43](#)

Спасибо! Замечательная статья, важно, что при всей сложности ДНК-генеалогии, легко читается и, на мой взгляд, доступна для восприятия новичками.

*Линьков А.И.* говорит:

[20.03.2017 в 23:20](#)

Допустим, что «анатомически современный человек» вышел из Азии. Что это меняет? Переливание из пустого в порожнее! Когда этот

анатомический человек стал Человеком? Как менялся внутренне? Эволюционно или революционно? Сам или с “божьей” помощью? Только отвечая на эти вопросы, можно знать не только откуда мы вышли, но и куда идем... Анатолий Алексеевич, извините за офтоп, но я рад, что Вы заняты делом, а не склоками. А что если человек вышел из Америки? В Америке “попгенетики” есть?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.03.2017 в 20:57](#)

>> Допустим, что «анатомически современный человек» вышел из Азии. Что это меняет? Переливание из пустого в порожнее!

Сожалею, но похоже, что медицина здесь уже бессильна. Меня обычно занимают люди, которые не просто держат подобные мнения при себе – мало ли кто что думает – но стремятся вынести его публично. Они не осознают, что если множество людей изучают происхождение человека, пытаются узнать, где он образовался, что на этот счет проходят бурные дискуссии – они не осознают, что множество других людей не считают это типа «что это меняет»? Это, видимо, что-то нутряное, когда человек выходит перед массами и говорит – ну вот такой я, нигилист, меня мало что интересует, и я этим горжусь. А массы пожимают плечами, и его ментально вычеркивают. Потому что заслужил. Я немало раз встречал в сетевых дискуссиях на исторические темы, когда некто в разгар обсуждения появляется и объявляет – да зачем эта история кому нужна? Кому нужна какая-то археология? Это что, мы от этого жить станем лучше? Зарплаты повысятся? Видимо, это духовные братья тех, кто взрывали исторические памятники в Афганистане, или недавно в Пальмире. Или – тоже встречал – «и кому это поэзия нужна? Что, без нее хуже жить будем?» У меня для таких есть ответ – да, без перечисленного хуже будем жить. Догадайтесь, почему. Но такие, думаю, не догадаются. Головное устройство другое.

>> Когда этот анатомический человек стал Человеком? Как менялся внутренне? Эволюционно или революционно? Сам или с “божьей” помощью? Только отвечая на эти вопросы, можно знать не только откуда мы вышли, но и куда идем...

Похоже, что Вы не тот форум попали. ДНК-генеалогия не отвечает на вопросы типа «куда мы идем». Но после вопросов выше, выделенных курсивом, полагаю, что и «куда мы идем» Вас тоже не интересует. Так, прикидываетесь.

>> я рад, что Вы заняты делом, а не склоками.



Ну, спасибо, что рады и одобрили. Гора с плеч. Только после того, что выше, меня уже не удивляет выбор слов. У меня для Вас есть новость – то, что Вы изящно называете «склоками», присуще любому заметному ученому. Потому что то, что Вы называете «склоками» – это на самом деле отстаивание научной истины, противодействие противникам, чем бы противниками ни руководствовались. Вы не найдете ни одного видного деятеля науки или культуры, которые бы не тратили (к сожалению) силы и время на отстаивание своего направления в науке или искусстве. И не только науки и культуры, но в любой области человеческого прогресса. И в космонавтике, и в любом инженерном деле, и вообще в любой деятельности. Потому что всегда найдутся люди, которые пытаются вставить палки в колеса, теми или иными способами. На свете в обилии есть зависть, ложь, инсинуации, различия в мировоззрении, идеологические разногласия, и прочее, что людей не объединяет, а разъединяет. И те, кто использует слова типа «склоки», тоже разъединяют. Возьмите биографию любого заметного деятеля, и вставляйте (Вам это ведь понравится, не так ли?) слово «склока» на полях там, где деятель отстаивал интересы дела. Доставляет удовольствие? Думаю, что Вам – да.

*Олег* говорит:

[21.03.2017 в 02:02](#)

Думаю, эта статья расставила все точки над “i”.

*И. Рожанский* говорит:

[21.03.2017 в 12:02](#)

Для тех, кому интересно продолжение истории с открытием гаплогруппы A00, можно порекомендовать лекцию ее первооткрывателя Томаса Крана на конференции 2016 года. Вот [ссылка для загрузки слайдов](#) (у кого проблемы с трафиком и языком, будьте осторожны – текст на английском, а файл “весит” 12 МБ).

Исследователи нашли уже три ветви A00 в Камеруне, но их общий предок углубился совсем ненамного в сравнении с данными 2013 года – не более, чем на 1000 лет назад. Интересно было узнать про местного короля, который тоже A00. В прежние времена основным родом занятий местных вождей и основной статьей экономики их государств был захват пленных у соседних племен и продажа их в рабство купцам из Европы, о чем современные борцы за политкорректность стараются особо не распространяться. Легкие деньги – они и в Африке (в буквальном смысле) легкие деньги. Торговать рабами было куда выгоднее, чем развивать ремесла и образование у себя на родине. Ничего это не напоминает? В такой ситуации выходец из привилегированного клана

вполне мог оказаться в рабстве в результате межплеменных стычек. Питались они лучше, а потому были сильнее простолюдинов, да и в плане интеллекта имели преимущество, и за них можно было выручить больше денег. Кстати, люди из народности бамилеке, к которой принадлежит король, считаются в современном Камеруне одними из лучших ремесленников и удачливых бизнесменов. Так что принадлежность к “архантропной” гаплогруппе вовсе не подразумевает умственную отсталость.

К сожалению, немного в тени оказалась гаплогруппа A0, открытие которой – тоже заслуга Томаса Крана. А она не менее интересная хотя бы потому, что от нее до наших дней дожило больше линий, чем от A00, и они (по предварительным прикидкам) сходятся к тому же времени, что и основная африканская гаплогруппа E. Не исключаю варианта, что они могли появиться в Африке в одно и то же время.

Про гаплогруппу A1a [я публиковал отдельное исследование](#). Появившиеся с того времени данные об этой гаплогруппе у современных египтян можно считать еще одним косвенным аргументом в пользу предложенной тогда гипотезы. А именно, что предок современных носителей A1a, живший около 12000 лет назад, был либо из какой-то вымершей линии с севера Африки, либо его следы ведут в Европу. В Тропической Африке эту реликтовую гаплогруппу так пока и не нашли, в том числе и у довольно плотно протестированных койсанских народов.

Возможно, я немного забегаю вперед с гаплогруппой C, но несколько замечаний можно сделать и относительно нее. Фигурально выражаясь, последние данные по ней можно считать куском, который концепция “выхода из Африки” не смогла ни переварить, ни даже толком проглотить. С самого начала существование гаплогруппы C было слабым местом этой гипотезы, и именно для нее пришлось изобретать береговой маршрут с его “богатými морскими ресурсами”, который д.б.н. С. Боринская явно подсмотрела в научно-популярных фильмах BBC или Discovery, снимавшихся на благоустроенных пляжах Тихоокеанского побережья США. По-другому никак не получалось состыковать выход из Африки с очень ранним заселением Австралии. Когда гаплогруппу C стали раз за разом находить в палеолитической Европе, а в ближайшем родстве с европейской гаплогруппой C-V20 оказалась “эндемичная” японская C-M8, то вся наспех сшитая картинка затрепала по швам. Береговой маршрут стал выписывать какие-то немислимые кренделя в десятки тысяч км длиной, при этом загадочным образом гаплогруппа, как будто бы вышедшая из Африки и еще в древности “наследившая” в непосредственной от нее близости, в Африке так и не появилась. Эти данные можно считать еще одним аргументом в пользу пункта 4 из выводов.

>> Никакой гаплогруппы для «анатомически современного человека», «выходящего из Африки», приписать невозможно...

А вот какая гаплогруппа характеризует предка людей, заселивших в верхнем палеолите Евразию, уже можно делать серьезные оценки. Это гаплогруппа СТ-M168, идентифицированная в ископаемой ДНК времен палеолита и мезолита из Европы и с Ближнего Востока. В силу низкого покрытия древних образцов, пока нет возможности с уверенностью судить, действительно ли они принадлежат к вымершим линиям сводной гаплогруппы СТ, не попадающим ни в одну из известных гаплогрупп, либо они «недотипированы», и входят в качестве рано отделившихся ветвей к какому-либо из них. Для того масштаба времен (более 20000 лет назад) это, впрочем, не столь принципиально. Как показывает (фактически случайная) находка нашего современника (сирийского араба) из родительской ветви DE, вариант с СТ\* у людей палеолита и мезолита вовсе не выглядит фантастическим. Можно ожидать, что в будущем их найдут и в какой-то из современных популяций.

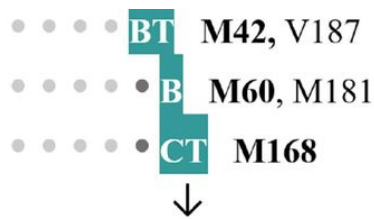
[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[21.03.2017 в 20:57](#)

Благодарю уважаемого И.Л. Рожанского за информативный, как всегда, комментарий. Немного добавлю к заключительной его части.

>> ...какая гаплогруппа характеризует предка людей, заселивших в верхнем палеолите Евразию, уже можно делать серьезные оценки. Это гаплогруппа СТ-M168, идентифицированная в ископаемой ДНК времен палеолита и мезолита из Европы и с Ближнего Востока.

СТ-M168 – это исторически не первая гаплогруппа на планете после прохождения человечеством бутылочного горлышка примерно 64 тысячи лет назад. Это была, по современным данным, гаплогруппа ВТ, она же бета-гаплогруппа (альфа-гаплогруппа – это предположительно та, от которой разделились исходные африканские и неафриканские популяции, африканские – либо по нынешнему месту жительства, либо по времени ухода их в Африку примерно 160 тысяч лет назад, ответа на этот вопрос наука пока не имеет).



**Остальные неафриканские гаплогруппы**

Где образовалась (или где выжила) гаплогруппа ВТ – ответа пока нет. Согласно концепции, которую впервые выдвинул В.П. Юрковец, между 60 и 70 тысяч лет назад на планете произошел гигантский катаклизм, вызванный падением крупного метеорита в Тихий океан, и образовавшаяся в результате волна смыва почти все живое на планете, и отчасти изменила ландшафт на ряде континентов. В пользу такой концепции свидетельствует ряд доказательств, в частности, что именно тогда Антарктида была перехлестнута гигантской волной, приведшей к засолению льда, что ясно видно по кернам. По этой концепции и последующим исследованиям, волна и гигантские селевые потоки пощадил только Балканские горы, потому, что к ним волна уже в значительной степени утасла.

То, что Балканы могли быть местом выживания древнейших людей, говорит и то, что скелетные остатки самых древних людей Европы были найдены (в Англии и Италии) с датировкой 45 тысяч лет назад. Не забудем и Костенки, с датировкой костных остатков около 40 тысяч лет назад, хотя датировки предполагаемых стоянок – примерно 50 тысяч лет назад. Если волна не достигла и самых высоких гор Гималаев, и гор того региона, то возможно и выживание людей в юго-восточной Азии. Но это только предположение, подсказка, где можно ожидать новых находок, которые будут названы «неожиданными». Но то, что и в Европе, и в юго-восточной Азии выжили люди одной и той же гаплогруппы ВТ – это совсем уже маловероятно. Боливар не вынесет двоих. То, что скелеты с датировкой 45 тысяч лет назад найдены в Европе, и ничего подобного не найдено в юго-восточной Азии (найденны с датировкой 80-120 тысяч лет назад, но это по концепции было задолго до катастрофы, и потомки тех людей погибли).

Гаплогруппа В по диаграмме выше осталась тупиковой, от нее произошли только нижестоящие субклады гаплогруппы В, которые передвинулись в Африку, когда – неизвестно, возможно, 20-10 тысяч лет назад, возможно, всего несколько тысяч лет назад. Так что он бета-гаплогруппы образовалась гаплогруппа СТ-M168, и от нее – все остальное человечество, кроме гаплогрупп категории А и В. Обе, видимо, ушли в Африку, но в разные времена. Да, собственно, и это неизвестно. Так что вопросов осталось много.

Сергей говорит:

[21.03.2017 в 21:21](#)

>> С самого начала существование гаплогруппы С было слабым местом этой гипотезы, и именно для нее пришлось изобретать береговой маршрут с его “богатými морскими ресурсами”, который д.б.н. С. Боринская явно

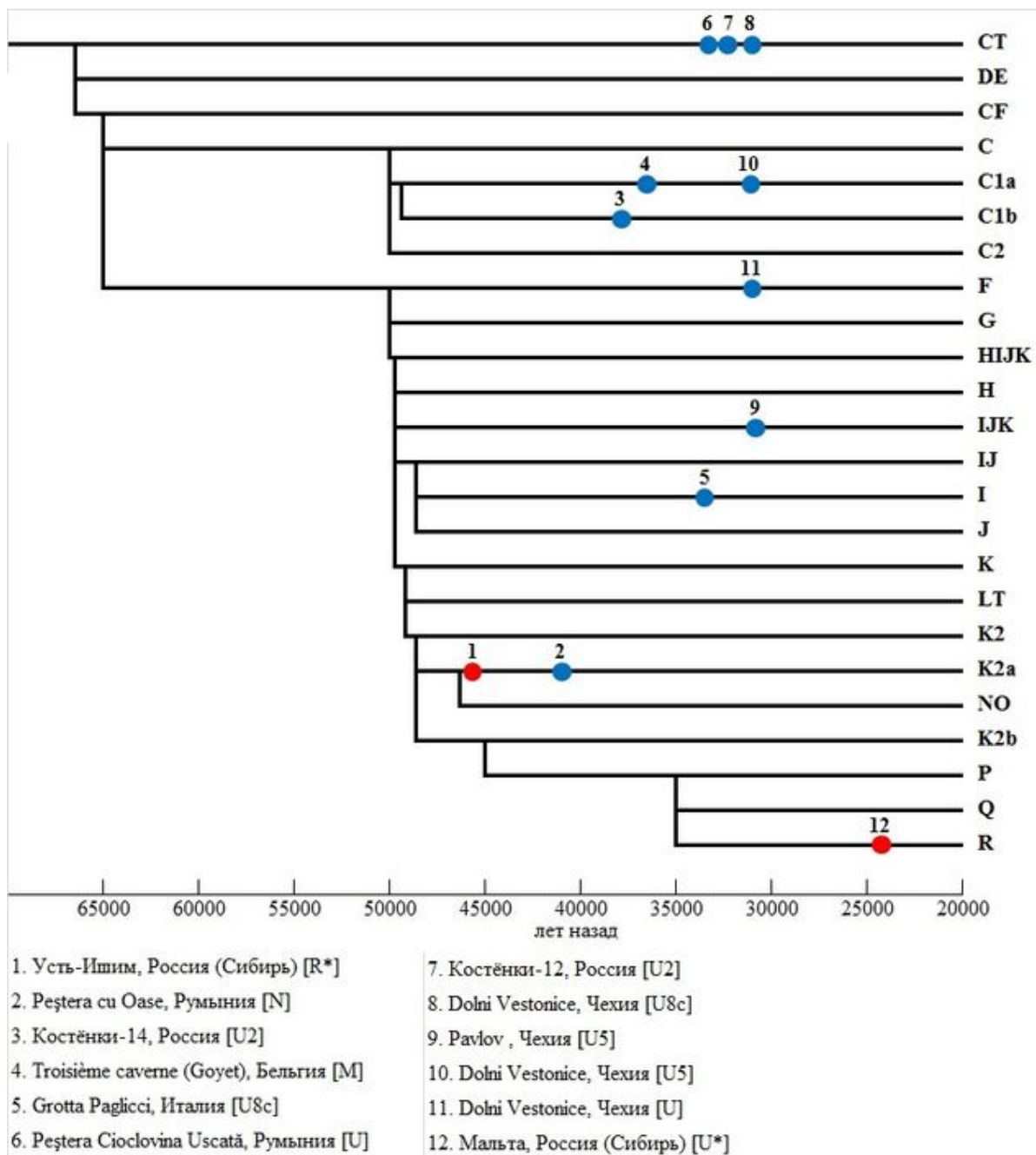
*подсмотрела в научно-популярных фильмах BBC или Discovery, снимавшихся на благоустроенных пляжах Тихоокеанского побережья США.*

Вот, вот. Она периодически всплывает на телевидении, и такое ощущение, что её специально зовут, когда надо сказать какую-то тривиальную ерунду, видимо в РАН настоящие ученые слишком заняты. Но ладно, допустим, не все передачи допускают серьезный научный формат, а другие, более серьезные передачи? Когда её слушаешь становится просто стыдно за Российскую науку. Как раз тот случай, когда по её устным выступлениям очевидно, что её работы можно и не открывать, ничего стоящего там не будет. Да и всё бы ничего, если бы просто приглашали как рядового генетика, так нет, её представляют как светила генетики РАН! Видимо, РАН действительно переживает сложные времена, раз позволяет от своего имени вещать с экрана таким вот своим представителям и допускает в печатную прессу.

*И. Рожанский* говорит:

[22.03.2017 в 10:40](#)

Чтобы у читателей возникло связанное впечатление, что известно на сегодняшний день по ископаемой ДНК эпохи палеолита, приведу данные в графической форме в виде схемы, для которой датировки узлов были взяты с последней версии дерева YFull. В квадратных скобках в легенде указаны мито-гаплогруппы. 12 ископаемых образцов с датировками более, чем 20000 лет назад, размещены на дереве, согласно существующим данным по снипам. Можно ожидать, что по мере накопления данных для каких-либо из них удастся уточнить филогению, и они переместятся в другую ветвь, как это произошло с древней ДНК из Усть-Ишима и пещеры Оасе. Оба оказались из одной и той же ветви, родственной гаплогруппе NO. В этой древней гаплогруппе ветви есть и ныне живущие участники проекта “1000 геномов”. Это два уроженца юга Индии – этнический телугу из Лондона и житель индийского штата Андхра-Прадеш, о национальности которого не сообщается. Любопытно, что ближайшие по филогении родственники “папуаса” из Костенок-14 (C1b-F1370) – индийцы, австралийские аборигены и полинезийцы, а мальчик со стоянки Мальта (R\*), по-видимому, был темнокожим. Возникает вопрос – где была прародина австралоидов, веддоидов и меланезийцев?



Геннадий говорит:

[22.03.2017 в 21:08](#)

Так куда же всё-таки относятся усть-ишимский человек и Оасе-1 со своим M2308? На ISOGG написано:

- [K2] see K tree for explanation of dual names and seeming gaps

•• NO F549/M2335/S22380/V4208, TS11667,E295/M2313/S11799/Z4858, E482/M2339/Z4952, F650/M2346, M2308/V1371/Z4842, Z12176

и ниже:

••• NO1 [K2a]

У Вас они K2a, но не NO. На YTree v5.02 at 11 February 2017 M2308 соответствует K-M2335, но выше NO.

*И. Рожанский* говорит:

[23.03.2017 в 03:54](#)

ISOGG – далеко не истина в последней инстанции. Это не какая-то научная организация, а добровольное общество любителей генетической генеалогии, не имеющее единого руководства и строгой регламентации. Разными разделами там занимаются разные люди, у которых уровень подготовки и отношения к своим обязанностям варьирует в широких пределах. К примеру, филогения гаплогруппы G в ISOGG проработана в мельчайших деталях, а к J уже несколько лет никто не прикасался, и посетители сайта лицезреют на этой странице безнадежно устаревшее древо. У специалистов YFull отношение к делу профессиональное, и на этом сайте схемы более надежные (за редкими исключениями) и свежие.

Что касается людей из Усть-Ишима и Оасе, то их положение на древе уточнили в прошлом году в статье, посвященной анализу проекта “1000 геномов”. Вот ссылка [“Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences”](#). Обратите внимание, что на приведенной мной схеме хорошо просматривается одна из таких “punctuated bursts” (отчетливых всплесков). Это точка, из которой веером расходятся все гаплогруппы, дочерние к F. Они “разбежались” на немислимо короткий по генетическим меркам срок в 3000-6000 лет.

*Сергей* говорит:

[23.03.2017 в 22:25](#)

Вот на что наткнулся: [“Вежливые люди” бронзового века: ученые обнаружили в генах](#). То есть, по их мнению, ямники-индоевропейцы пришли 5 тыс. л.н. из Черноморско-Каспийской степи и завоевали Старую Европу? Тут интересно, что датировка 5 т.л.н. совпадает с приходом эрбинов в Европу по Вашим работам, это авторы как к этому пришли и давно ли? По археологическим датировками гибели Старой Европы? Ямники имеют гаплогруппу R1b, учитывали ли авторы этот

факт при выдвижении своей гипотезы или же просто археологические предположения о вторжении индоевропейцев в Европу а-ля Гимбутас?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[24.03.2017 в 11:40](#)

В заметке сплошные недоразумения, что не удивительно – в этой части археологии, истории и лингвистики, а в последнее время и в «широкогеномной популяционной генетике», посвященной этому вопросу, эти недоразумения подхвачены и усилены. Центральная часть этих недоразумений – что ямники пришли из степей Русской равнины напрямую в центральную Европу, на запад, и принесли туда индоевропейские языки. Все остальные недоразумения на это главное недоразумение нанизываются.

Этот вопрос обсуждается в научной литературе уже сто лет, с первой четверти 20-го века как минимум, и решения нет. Уже это подсказывает, что решения в таком ключе быть не может, но это тупо продолжают, в том же ключе. Толчок этой концепции дала М. Гимбутас еще полвека назад, и сейчас специалисты подразделяются на три группы – кто эту концепцию Гимбутас отрицает, кто сомневается, и кто поддерживает и продолжает. Например, Л.С. Клейн умудряется выступать во всех трех группах. Более того, «широкогеномные генетики» в публикациях 2015 года (Nature; Haak с сотр., Allentoft с сотр.) пошли на поводу у сторонников концепции Гимбутас (один из них был в одной статье, другой – в другой статье), и тоже объявили, что ямники из Поволжья и Калмыкии (потому что именно их геномы они определяли) прошли напрямую на запад в Европу и, значит, принесли с собой языки, значит, индоевропейские, хотя про языки у них, конечно, данных не было. Но в попгенетике, в том числе и «широкогеномной» геномные факты смешивают с интерпретацией, и выдают уже за факты по совокупности.

И тут Клейн засомневался – вроде, он был отчасти скептичен в отношении этой концепции, но тут генетика подтверждает, как тут не сломаться? В итоге он разродился недавней статье, где и нашим, и вашим, и еще тем, другим, добавил массу путаницы, и сделал некие пассивные выводы, которые так ничего и не сказали.

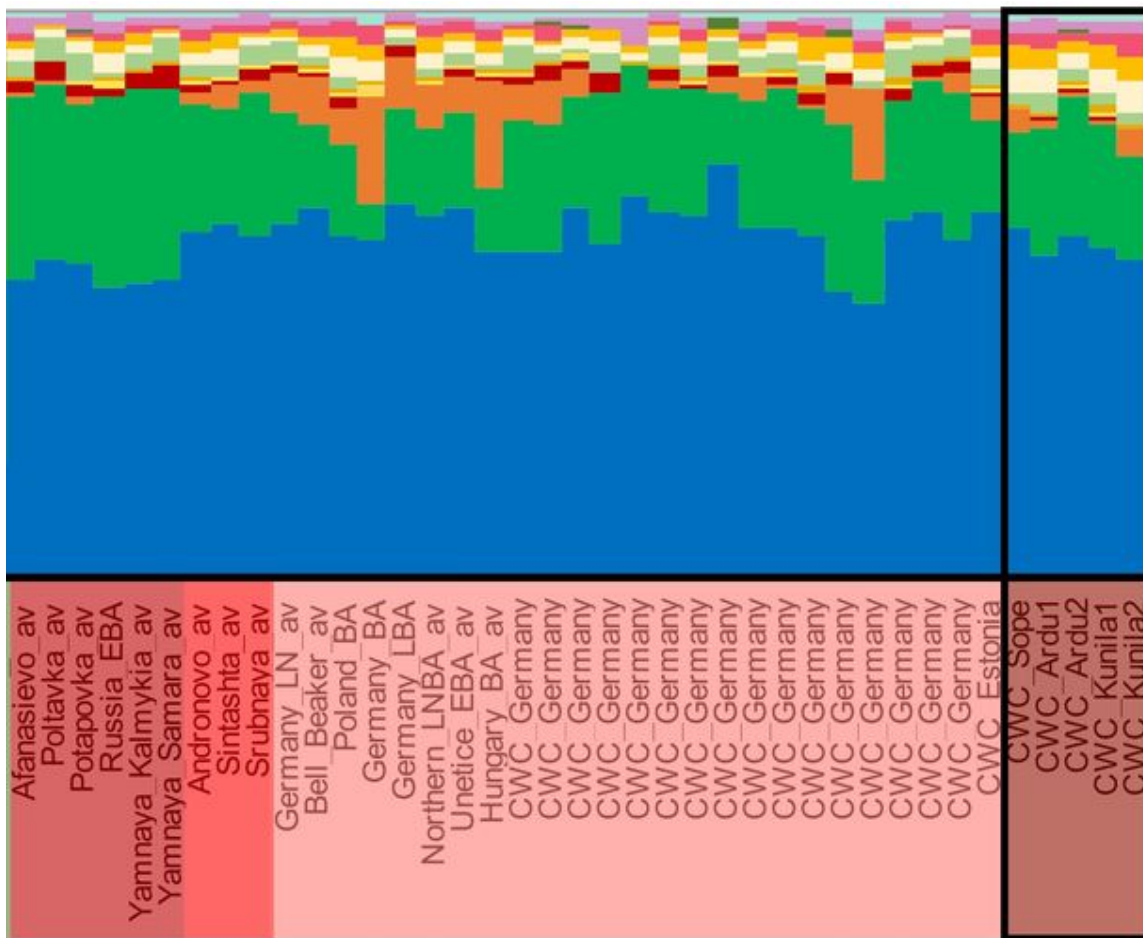
Это – пояснение к Вашему вопросу. То, что говорится в популярной статье, которую Вы процитировали, это, как обычно, вообще внимания не стоит. Там всё смешано в кучу, и все, что автор прочитал, взял на веру. На самом деле это сумбурный пересказ двух англоязычных статей (Goldberg и др., 2017; Lazaridis и Reich, 2017), и тех двух статей 2015 года (в Nature, см. выше).



Даты здесь не при чем, они все «по понятиям». Но их можно принять, ничего от этого не изменится. Проблема совсем в другом, а именно в том, что опять погнетики смешали геномные данные и их интерпретацию «по понятиям», и этот коктейль выдают за факты, и уже эти «факты» опять интерпретируют. Это – бич погнетиков.

Поясню. Авторы первой статьи (Goldberg и др., 2017) взяли несколько наборов ископаемых ДНК – «анатолийских фермеров» (AF), центрально-европейцев каменного века, они же «неолитические центрально-европейцы» (CE), степняки-ямники (SP), правда, написали, что из Причерноморья, на самом деле, как я понимаю, из Самары и Калмыкии, и центрально-европейцев бронзового века (BA), эти последние и обозначены как 5000 лет назад. В общем, можно и так считать, как я сейчас покажу, дело не в датах, они в захоронениях все равно гуляют в пределах тысячелетия, но для погнетиков это все условности.

Все эти образцы были по каждой категории усреднены по геному, мужчин, женщин, вообще всех, так эти геномы и назвали – AF, CE, SP, BA. И вот отсюда начинаются принципиальные проблемы – они постулировали, что BA – это именно ямники, пришедшие на запад, в центральную Европу. А как же иначе? Ведь так принято считать, вот и статьи 2015 года так показали, что геномы ямников и культуры шнуrowой керамики практически идентичны. То, что ямники – R1b, а шнуrowики – R1a, погнетикам всё равно, они на гаплогруппы не смотрят, у них – геном. Вот какая картинка у «широкогеномных»:



Как видите, здесь показаны усредненные геномы самых разных культур и популяций- и ямная (R1b), и культура шнуровой керамики (CWC, R1a), и потаповская (R1a), и полтавкинская (R1b), и афанасьевская (похоже, R1b, но возможны и другие варианты), и андроново (R1a), и синташта (R1a), и срубная (R1a), и колоколовидные кубки (R1b), и европейский поздний неолит – бронзовый век, LNBA (кто бы он ни был, но наиболее вероятно R1b, культура колоколовидных кубков), и все по усредненному геному практически одинаковы. А популяционисты – народ простой, у них «туннельное видение», посмотрели на ямников и европейцев LNBA – видят, что цвета одинаковы, и записали – LNBA это потомки пришедших напрямую в центральную Европу ямников. То что вокруг на диаграмме все такие же, популяционисты предпочли не увидеть.

Понимаете, в чем принципиальная проблема? А в том, что центральную Европу связали напрямую с ямниками, как Гимбутас и завещала. И стали их сравнивать по мужским и женским показателям, кого в миграции из ямной культуры в Европу было больше, мужчин или женщин. А там миграция совсем другая была, в центральной Европе субклада R1b-Z2103, из ямной культуры, практически нет. Мигранты в центральную

Европу вовсе из другого региона пришли, с Пиреней, и ямниками они уже тысячу лет как не были, а то и больше.

Я об этом еще с 2012 года пишу, со статей в *Advances in Anthropology*, но популяристы не воспринимали. А вот сейчас даже Балановский сломался, видимо, я его все-таки убедил, как ему это не хотелось. Вот что он недавно написал, в статье 2017 года: *«древнее ямное население не было важным источником отцовских линий для современных западных европейцев»*. Повторяю, это я писал уже в нескольких статьях и книгах, и ранее на Переформате. Так что здесь и Балановский списывает у меня, и в другой статье Клейн списывает это же у меня, делая вид, что списывает у Балановского. Еще Балановский – *«Выходит, что либо мигранты не оставили сыновей, либо Европу заселили не ямники, а некая загадочная популяция, отличающаяся от них по Y-хромосоме, но сходная по остальным хромосомам»*. Никакая загадочная популяция R1b Европу не заселила, а какая заселила – я еще в 2012 году писал в *Advances in Anthropology*, и с тех пор повторял множество раз. Заселила линия R1b-M269-L23-L51-L11, которая прибыла на Пиренеи, разделилась на U106 и R312, и как культура колоколовидных кубков заселила континентальную Европу.

И вот что у Goldberg с соавторами получилось: у потомков фермеров из Анатолии в Европе (тоже с натяжками, ну да ладно) мужчин и женщин практически поровну. То же и у европейцев каменного века, практически поровну. А вот у центрально-европейцев бронзового века, в III тыс до н.э., если сравнить с ямниками – резкий дисбаланс, на одну женщину приходится 10 мужчин, по другим данным – от 5 до 14 мужчин. И отсюда пошла фантазия о том, какой у них был социальный уклад, как они уходили в миграцию, без женщин, и как обходились в Европе, как отношения строили. А проблема вовсе не в том, проблема в исходной неверной посылке. Центральная Европа того времени – не ямники, и с последними сравнивать нельзя.

Затем на арену выходит статья Lazaridis и Reich, они пересчитали данные Goldberg, и пришли к выводу, что те неправильно считали. Надо вот так, и показывают, что если вот так, то получается мужчин и женщин поровну, но при этом все равно исходят из того, что в центральной Европе – ямники, или их прямые потомки, как мужчины, так и женщины. То есть их исходная посылка все равно неверна.

И что занятно – если первые не так считали, то почему у них с анатолийскими фермерами все сошлось, всех поровну? Если в расчетах систематическая ошибка, то она должна и на анатолийцах проявиться, не так ли? И на европейцах каменного века, а у тех тоже поровну получается.

Короче, с этими «широкогеномными» не соскучаешься. В общем, надо

ждать ответа Goldberg и сотрудников, и либо они ошибку в расчетах признают, либо нет, будут оспаривать. Но главное, и те, и другие будут продолжать считать центрально-европейцев ямниками, это для них священная корова. Пока они эту корову не разделают, ерунда с «центрально-европейскими ямниками» и их «индоевропейскими языками» будет продолжаться.

*И. Рожанский* говорит:

[24.03.2017 в 14:11](#)

Ситуация с поиском предка “бикеров” сейчас напоминает соревнования по стендовой стрельбе – заинтересованные исследователи и любители стоят с ружьями наизготовку и ждут, откуда вылетит тарелочка в виде новых данных палео-ДНК. Те, кто пограмотнее, понимают, что вылететь она может откуда угодно, но основная масса целится в одну и ту же точку, принимая все уверения “широкогеномников” за чистую монету. Многие понимают, что с Z2103 аргументы последних выглядят чересчур шаткими, но налицо самовнушение, что неуловимых людей из L51 должны вот-вот обнаружить в западной части Ямной культуры. Но пока таких данных нет, равно как и образцов эпохи ранней бронзы с Балкан, из Испании, Франции и Италии. По ним есть некоторое количество ДНК времен неолита, но R1b среди них пока не нашли, за исключением “испанца” из рано отошедшего субклада R1b-V88. Что касается культуры колоколовидных кубков, то самый свежий обзор по ней можно найти в презентации главного специалиста по ней – французского археолога О. Лемерсье, которую он сделал для группы Д. Райха в Гарварде. [Вот ссылка](#). Насколько можно понять, эта культура окружена мифами не меньше, чем история древних кельтов.

*Тарас Н* говорит:

[24.03.2017 в 00:21](#)

Спасибо за статью, жду продолжения. А у меня вопрос по топологии Y-хромосомного дерева, построенного по 403 гаплотипам: на дереве два основных кластера, объединяющих (1) гаплогруппы Q и R, и (2) все остальные гаплогруппы. Чем можно объяснить такую топологию?

*В.Юрковец* говорит:

[24.03.2017 в 02:51](#)

Климатической катастрофой, которая разделила территорию обитания сапиенса на две неравные половины: восточную (QR), западную (IJ) – см. концовку статьи [по ссылке](#).

*Юрий ВК* говорит:

[24.03.2017 в 18:32](#)

М.В. Аникович, ведущий российский антрополог и археолог, писал о происхождении вулканического пепла в Костенках (Костёнки – палеолитический «центр мира». Известия «Наука», 04.09.2007 г.): “Детальный анализ вулканического пепла, разделяющего верхнюю и нижнюю гумусированные толщи, позволил установить: он тождествен пеплу одного из самых катастрофических извержений в районе Флегрейских полей в Италии. Возраст этого пепла ныне установлен Дэвидом Пайлом (Кембридж, Великобритания) – 38-41 тысяч лет назад. Данные палео-магнитного анализа, произведенного Генриеттой Поспеловой (Институт физики Земли, Москва), показали, что на Костёнках-12 в отложениях, залегающих непосредственно под пеплом, фиксируется так называемый палеомагнитный экскурс (т.е. смещение магнитного полюса Земли), известный под названием Лашамп-Каргаполово. Возраст этого экскурса колеблется в пределах 38-45 тысяч лет назад”.

*В.Юрковец* говорит:

[26.03.2017 в 01:25](#)

Почему вулканический пепел Русской равнины, засыпавший палеолитические стоянки Костенковско-Борщевского региона, не может происходить из Флегрейских полей Италии подробно написано в статье “Ладожская астроблема” в 2011 году, [ссылка](#). Читайте раздел “Вещественные признаки Ладожской астроблемы” (стр. 2012). Кое-что в этой статье уже устарело, однако раздел, содержащий материал о пеплах, остаётся актуальным. Кратко – масштаб извержения, засыпавшего пеплом Русскую равнину, на порядок превышает то, что могли дать вулканы Флегрейских полей Италии. Что касается состава, то трахиты (состав пеплов) они хоть где трахиты. Хоть на Ладог, хоть в Италии. В статье об этом тоже сказано.

*Тарас Н* говорит:

[25.03.2017 в 02:44](#)

Благодарю, я ознакомился с этой гипотезой. Она, конечно, очень интересна, но не могу сказать, что очень убедительна. Например, реликтовая фауна Австралии, все эти утконосы и киви вряд ли смогли уцелеть при катаклизме такой силы, когда океаническая волна переливается через материк, образуя гигантскую рябь из валунов. Если уж на то пошло, то инфекционная гипотеза формирования

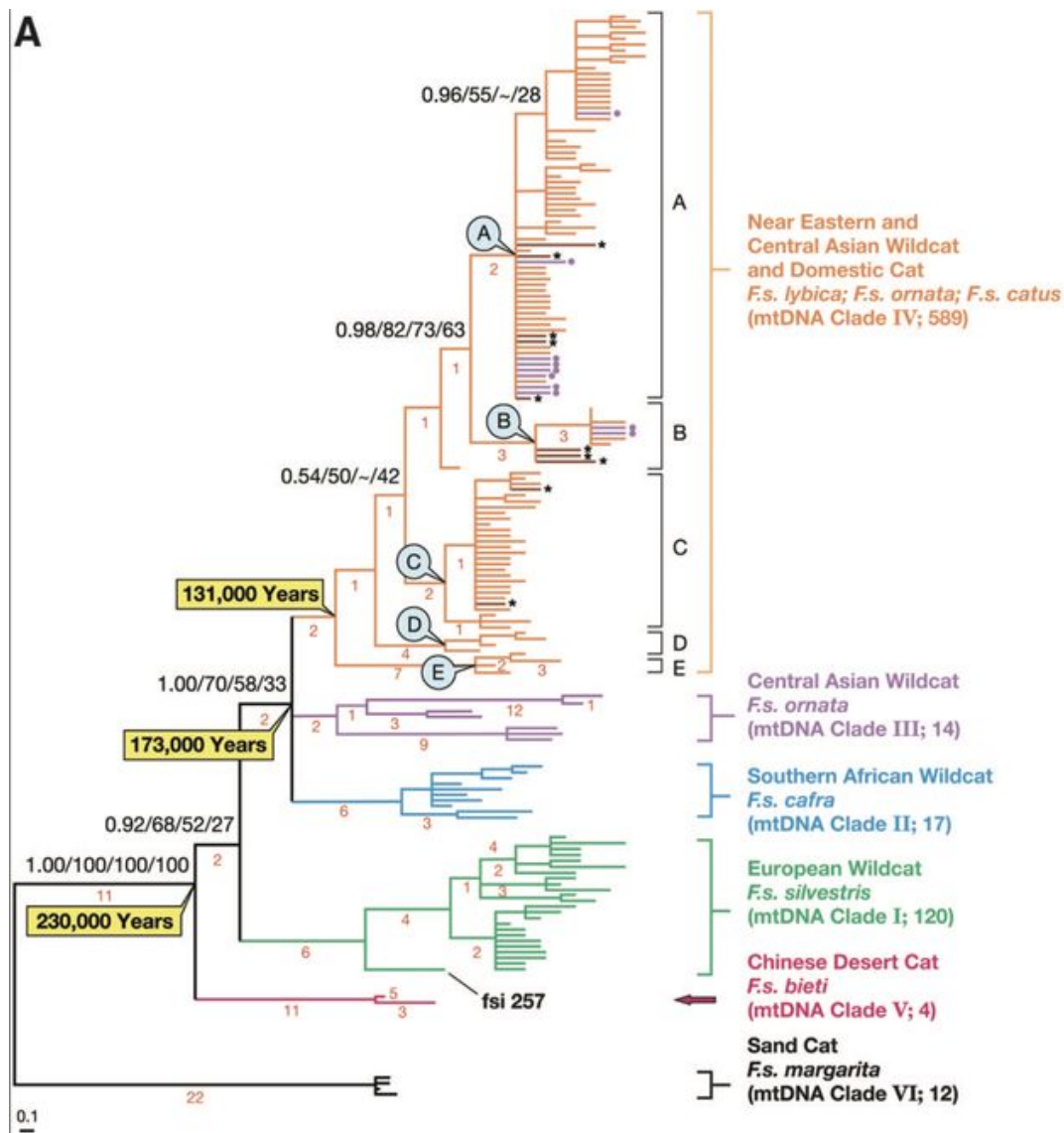
филогенетического ландшафта человечества представляется мне более вероятной.

И. Рожанский говорит:

[25.03.2017 в 18:26](#)

>> Например, реликтовая фауна Австралии, все эти утконосы и киви вряд ли смогли уцелеть при катаклизме такой силы...

Можно обойтись и без экзотики наподобие утконосов. Вот дерево митохондриальной ДНК кошек [из статьи, которую уже разбирал ранее](#):



Оно ветвится вполне равномерно, начиная с 230000 лет назад, без каких-то разрывов, которые можно было бы интерпретировать как глобальную катастрофу, уничтожившую почти все живое на Земле. То ли это

иллюстрация поговорки “живучий как кошка”, то ли (что более вероятно) – типичное филогенетическое дерево высших животных. Обратите внимание, что ареал вида *Felis silvestris* охватывает всю Африку и значительную часть Евразии. Привожу пример, потому что помню это дерево с того времени, когда работал над статьей [“Братья Гримм и ДНК-генеалогия \(История 2: Бременские музыканты\)”](#). Надо посмотреть данные ДНК по другим животным, чтобы понять странную избирательность мегацунами, то ли не замеченного кошками и, может быть, кем-то еще, то ли уничтожившего одних только людей.

*В.Юрковец* говорит:

[26.03.2017 в 01:39](#)

Избирательность действительно имела место. Космогенное мегацунами уничтожило только гигантов мегафауны. Что касается гибели мегафауны Австралии (и мира), то некоторые соображения на эту тему (почему погибли не все) изложены в недавно вышедшей статье “ДНК-генеалогия, палеоклимат и геоморфология. Гидродинамический карст”, в главе “Вместо заключения: о двух «новых ковчегах» человечества”, [ссылка](#). В статье, ссылку на которую я дал выше, речь идёт не о космогенном мегацунами, а о падении массивного космического тела на сушу – север Европы.

*Анатолий А. Клёсов* говорит:

[26.03.2017 в 11:34](#)

Уважаемый Тарас Н., надо сказать, что выбранный Вами формат дискуссии («по понятиям») представляется неудачным. Понимаю, что по Вашему мнению гипотеза В.П. Юрковца о катаклизме планетарного масштаба, которая произошла 60-70 тысяч лет назад, не «очень убедительна», а «инфекционная гипотеза» «представляется более вероятной». Иначе говоря, Вы делитесь Вашим мнением, не сообщая, почему именно «инфекционная гипотеза» для Вас более вероятна, а, например, данные о перехлестывании океанской волны через антарктический континент в упомянутые времена Вы в комментарии просто отбрасываете. Но это, на мой взгляд, порочный формат дискуссии, потому что в нем дискуссии обычно продолжаются бесконечно, именно потому что одни факторы выдвигаются и не упоминаются, а другие выставляются.

Раз уж Вы взяли на себя роль арбитра в решении вопроса, почему одна гипотеза (на Ваш взгляд) «не очень убедительна», а другая «более вероятна», то будьте последовательны, и возьмите на себя труд аккуратно и внимательно сопоставить «за» и «против» в той и другой гипотезе, и только на основе этого сопоставления и с привлечением

соответствующих экспериментальных данных и фактических наблюдений постарайтесь убедить аудиторию. Иначе получается несерьезно.

Поскольку в формате дискуссии по этой теме такой разбор и сопоставление данных займет слишком много места, и потому невозможно, то предлагаю Вам, если Вы действительно заинтересованы разобраться, а не «просто так», представить соответствующую статью в Вестник Академии ДНК-генеалогии. В качестве дополнительного аргумента советую использовать комментарий Игоря Львовича Рожанского, и тоже его проанализировать наряду с другими. Как видите, задача непростая – цунами перехлестывает через континент, люди проходят бутылочное горлышко популяции в то же время, а кошки и утконосы выживают (хотя тоже, возможно, проходят бутылочное горлышко своих видов).

Примечание: статья Тарасом Н. представлена не была.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[24.03.2017 в 11:41](#)

*>А у меня вопрос по топологии Y-хромосомного дерева, построенного по 403 гаплотипам: на дереве два основных кластера, объединяющих (1) гаплогруппы Q и R, и (2) все остальные гаплогруппы. Чем можно объяснить такую топологию?*

Гаплогруппы Q и R там не объединены, они на разных подветвях. Так же организованы и сводные ветви гаплогрупп D, L, E и H, а также J1, I1, I2, как примеры. На самом деле объединены R1a и R1b, и понятно, почему – это родственные субклады одной гаплогруппы. Все остальные гаплогруппы на дереве «верхнего уровня» филогении, а R1a и R1b – «третьего уровня». Они на деревьях гаплотипов обычно сидят рядом. Можно было их сформировать как гаплогруппу R, и тогда симметрия дерева была бы выше.

Единственный принцип, определяющий строение дерева, как приведенного выше – это сходство структуры гаплотипов. Разные по структуре ветви отталкиваются друг от друга, близкие по структуре (гаплотипов) – сближаются. Здесь идеального равновесия ветвей ожидать не приходится, гаплогруппы порой сформированы произвольно, можно было и по-другому их распределить.

Тарас Н говорит:

[25.03.2017 в 02:34](#)



Эти файлы с выровненными сиквенсами, что использовались для построения дерева, они есть в свободном доступе (например, в виде сопутствующей информации к статье)? Круговой формат трудно читается, хотелось бы привести к более привычной форме.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[26.03.2017 в 11:31](#)

>> *Эти файлы с выровненными сиквенсами, что использовались для построения дерева...*

Там «сиквенсов» не было, это 111-маркерные гаплотипы, которые представляют набор из 111 аллелей. Вы это, вероятно, имели в виду... Да, конечно, эти гаплотипы есть в свободном доступе, они взяты из соответствующих Проектов FTDNA, по гаплогруппам. За прошедший год со времени построения этого дерева в Проектах появилось больше гаплотипов, так что у Вас есть возможность самому построить более детальное дерево.

>> *Круговой формат трудно читается, хотелось бы привести к более привычной форме.*

В привычной для Вас форме, Вы это имеете в виду? Для меня, например, круговая форма более удобна для представления, потому что линейная форма заняла бы много страниц, и здесь была бы немыслима. Не знаю, почему для Вас круговой формат «трудно читается», он в представлении, данном в статье выше, вполне нагляден, тем более что там показаны все гаплогруппы в совокупности. Но дело Ваше, постройте сами в «привычной форме», никто не мешает.

Но перед тем, как приступить к этой работе, задайте себе вопрос – что Вы хотите узнать, для чего строите дерево? Вопросы, которые задавал себе я, были простыми – узнать, образует ли дерево симметричную, единую систему для основных гаплогрупп (мужского) населения планеты, и если да, то какой возраст общего предка совокупности этих гаплогрупп. Ответы на оба вопроса были получены. Я, признаться, не знаю, как приведение к другой форме (а форм построения дерева много, вплоть до экзотических, в виде перьев, и так далее) даст Вам что-то иное. Но дело хозяйское.

*И. Рожанский* говорит:

[27.03.2017 в 09:42](#)

>> *Взяли данные по геному усть-ишимского человека... На самом деле максимально обоснованная в литературе величина константы скорости снип-*

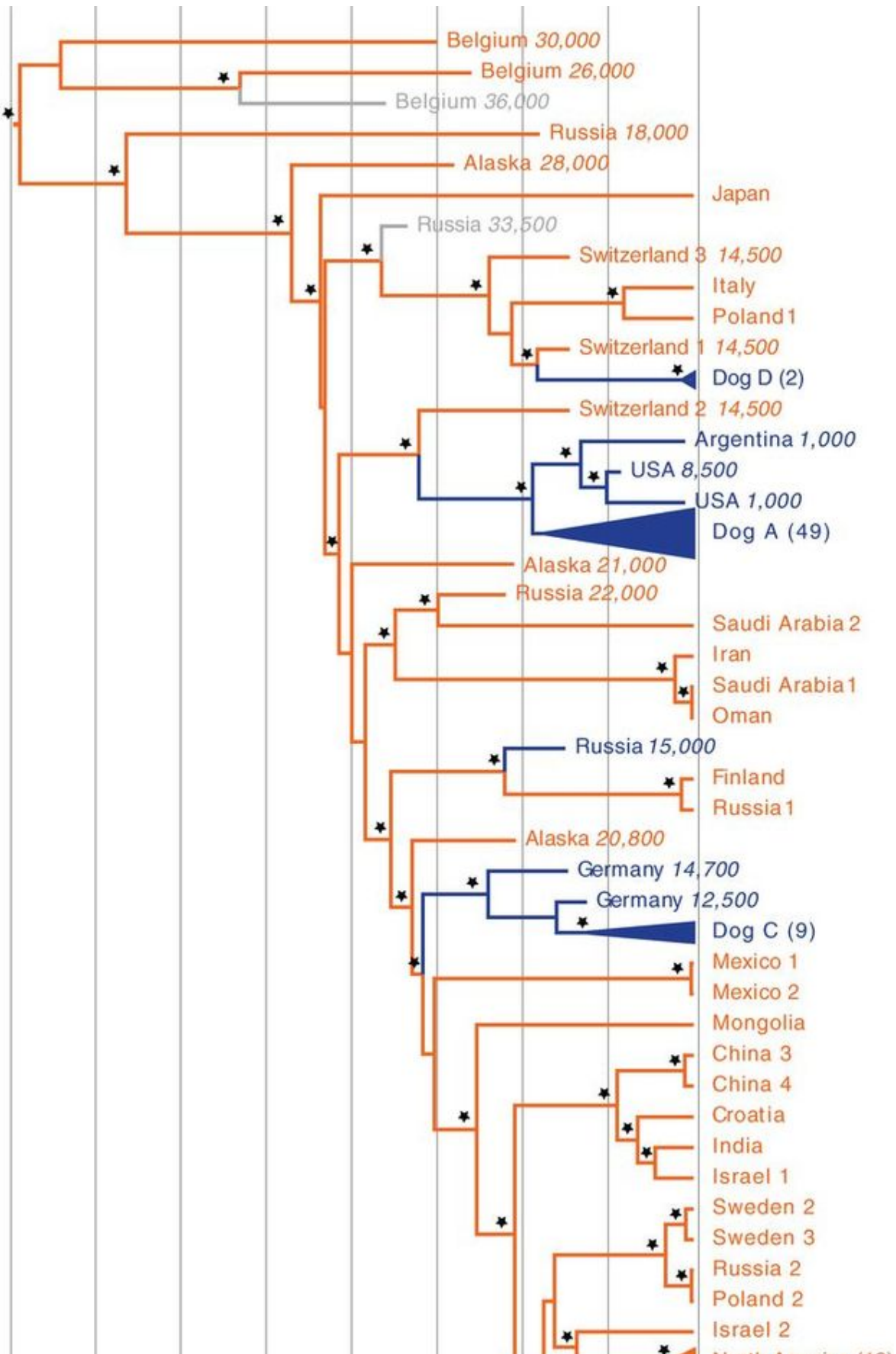
мутации равна  $8.2 \cdot 10^{-10}$ , то есть почти в два раза выше.

Скорость  $8.2 \cdot 10^{-10}$  относится к Y-хромосоме, которая мутирует существенно быстрее остальных хромосом. Если вспомните свою совместную статью с Э. Эльхаиком, то в ней разбирается ситуация, когда авторы публикации о гаплогруппе A00 в 1,5 раза завысили датировку расхождения гаплогрупп A00 и A0-T как раз потому, что использовали константу скорости мутаций для диплоидных хромосом. Если Райх с соавторами обрабатывали геномные данные, то и скорость мутаций должны были калибровать по полным геномам. Насколько корректно они провели калибровку, это уже отдельный вопрос.

Характерная датировка в 50 тысяч лет, что они получили, – это отнюдь не фантом. Она хорошо просматривается, например, на дереве Y-хромосомных гаплогрупп, фрагмент которого я приводил [при обсуждении первой части статьи](#). На том дереве не развернута гаплогруппа DE, поскольку по ней пока нет ископаемых гаплотипов с датировкой 20000 лет назад и ранее, но, если это сделать, то “африканская” гаплогруппа E точно так же разойдется веером из точки около 50 тыс. лет назад, как это мы видим для гаплогрупп C и F.

То есть, мы имеем ситуацию, неплохо стыкующуюся с данными археологии. До 50000 лет назад мы почти не видим следов анатомически современных людей, за редкими исключениями вроде несчастных древних “китайцев”, съеденных пещерными львами (такова версия авторов статьи, почему нашли только хаотично разбросанные зубы в пещере без единого следа человеческой деятельности), а спустя всего несколько тысячелетий они появляются повсюду, в том числе и в Африке. Далеко не везде пока найдены костные останки, но технологии обработки камня резко поменялись, о чем подробно написано в процитированной статье Р. Беднарника в *Advances in Anthropology*. Понятно, что вывод о том, что эта датировка как-то доказывает выход из Африки, притом однократный, – всего лишь декларация о намерениях, не более того. Как трактовать “отчетливую вспышку” (punctuated burst, как выразились Roznik с соавторами) 50 тысячелетий назад, это вопрос, который требует дальнейшей проработки, желательно без идеологических штампов.

Чтобы добавить интриги к задаче, вот дерево мито-ДНК собак (синий шрифт) и серых волков (*Canis lupus*, оранжевый шрифт), как современных, так и ископаемых.



На нем просматривается та же самая “вспышка”, и это при том, что одомашнивание предка собак (серого волка) принято относить к намного более позднему времени, и ни один дикий подвид *Canis lupus* никогда не жил в Африке. Подробности – в статье [“Братья Гримм и ДНК-генеалогия \(История 2: Бременские музыканты\)”](#).

*Stas Tambià* говорит:

[27.03.2017 в 11:02](#)

Хорошая подробная статья. Конкретные примеры из «широкогеномных» статей (так и хочется сказать «узколобых» статей) жуть как хороши :) Информация из последних абзацев даёт надежду, что «однократный выход из Африки» – этот современный флогистон – будет с позором забыт, как была забыта и та «сверхтонкая материя» XVIII века, об обнаружении которой писались научные труды, защищались учёные степени... а всё оказалось пшиком!

*В.Юрковец* говорит:

[27.03.2017 в 11:46](#)

На мой взгляд, уважаемый Анатолий Алексеевич, Вы в этих статьях убедительно показываете, что, по сути, парадигма “выхода из Африки” изначально является исключительно гуманитарной проблемой, т.е. по определению не наукой, следовательно, и разговаривать с её сторонниками языком науки бессмысленно и бесполезно. Здесь нужны другие специалисты, лучше всего из области масс-медиа. Нужно Задорнова подключать – там ржачки, как теперь говорят, немеряно. И в самом деле. Например, есть такой факт: нашли китайцы свидетельства пребывания анатомически современного человека в современном Китае 80-120 тысяч лет назад. Попгенетики тут же объявляют, что это прямое свидетельство выхода АСЧ из Африки 50±10 тысяч лет назад. Ну-у-у, тупы-ы-ые... (почти как Боринская с Балановскими, которым не дано природой понять статистический аппарат кинетики мутаций в Y-хромосоме). Они хоть знают, где находится Африка? А поскольку эти люди рулят наукой, то неудивительно, что у них получился такой результат.

*И. Рожанский* говорит:

[27.03.2017 в 12:43](#)

Насчет “позорной страницы” флогистона Вы погорячились. В реальности это была полноценная научная теория, сделавшая прорыв в понимании химии и превращении ее из ремесла, замешанного на суевериях, в настоящую науку. Когда концепция выработала свой

потенциал, то закономерно отошла в прошлое, причем без громогласных разоблачений и далеко не сразу. Понадобилось немалое время, чтобы накопить экспериментальный материал для ныне существующей теории окислительно-восстановительных реакций.

С “выходом из Африки” ситуация весьма отдаленно напоминает историю с флогистоном. В отличие от теории флогистона, ее прорывная мощь заключается не столько в продвижении наших знаний о ранней истории человечества, сколько в возможности привлечь с ее помощью хорошее финансирование в полевые генетические исследования. Археологи или палеонтологи могут только мечтать о размерах грантов и уровне оборудования, что сейчас задействованы в популяционной генетике. Поскольку любое неосторожно сказанное слово может привести к обмелению денежного потока из кармана налогоплательщиков (как это произошло с программами в физике высоких энергий), мы имеем на выходе чрезвычайно расплывчатые и скользкие формулировки в статьях по широкогеномному анализу.

*Stas Tambiã* говорит:

[27.03.2017 в 23:48](#)

Благодарю за ответ. Но не могу с вами согласиться, хотя вы и знаете несравнимо больше моего. Есть такая популярная фраза, с которой я тоже не согласен – “что нас не убивает, то делает нас сильнее”. Без сомнения, наука движется вперед и есть соблазн всё, что в этом движении случается, признать способствующим этому движению. Неужели и пилтдаунский человек тоже “полноценная научная теория”, сделавшая прорыв в антропологии? Конечно, можно сказать, что разоблачение этой подделки научило учёных критически подходить к изучению костей. Но я думаю, что для науки было бы лучше, если учёные сконцентрировали своё внимание на положительной деятельности, чем на отрицательной – изучении подделок. Не хочу вас обидеть, но лично я думаю, что поддержка странной гипотезы выхода из Африки ради “хорошего финансирования” сродни поддержке уфологов в надежде на то, что они случайно обнаружат неизвестную комету. (Без сомнения, я совершенно не представляю финансовое состояние современной науки. Возможно, оно такое бедственное, что мои эти рассуждения кажутся наивными. Вполне возможно, что будь я астрономом, то в поисках финансирования я бы и не на такое согласился.)

*Виктория В.С.* говорит:

[28.03.2017 в 03:23](#)

Дело отнюдь не в “бедственности”. А в том, что для получения финансирования нужно иметь “положительный отзыв” у каких-то действующих научных кругов. Всегда. Независимо от того, много или мало финресурса выделяется на научные исследования. У выделения денег та же самая процедура, что у принятия статьи к публикации. И чаще всего практически те же самые люди управляют процессами. С одной стороны, это объективная необходимость – ведь нельзя финансировать все возможные идеи подряд. С другой, если позицию “рецензентов” заняли люди, которые ошибаются или заблуждаются, то научные исследования могут долго “маршировать” в неверном направлении. Тем более в областях, где требуется высокотехнологичная материальная база. И соответственно очень дорогая, которую самостоятельно ученому создать невозможно.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[28.03.2017 в 11:09](#)

Благодарю всех, кто сделал комментарии. Попробую ответить «кумулятивно».

>> *“африканская” гаплогруппа E точно так же разоидется веером из точки около 50 тыс. лет назад, как это мы видим для гаплогрупп C и F.*

Датировка образования гаплогруппы E –  $65200 \pm 3100$  лет назад ([расчеты по снипам](#)). Датировки для гаплогрупп C и F – те же времена, в пределах погрешности расчетов.

>> *...по сути, парадигма “выхода из Африки” изначально является исключительно гуманитарной проблемой, т.е. по определению не наукой, следовательно, и разговаривать с её сторонниками языком науки бессмысленно и бесполезно.*

Сначала, видимо, ее рассматривали как научную проблему (это было в 1980-х годах), и авторы, похоже, не предполагали, как обернется дело. Конец той «чистосердечной» эпохе был положен в 1987 году, когда в журнале Nature была опубликована статья из Калифорнийского университета, Беркли, под названием «Митохондриальная ДНК и эволюция человека». Статья весьма слабая не только по современным критериям, но и по тогдашним, и можно только удивляться, как статья прошла рецензии. Достаточно упомянуть, что в Абстракте, предваряющем статью, сообщалось, что изученные авторами митохондриальные ДНК происходят от одной женщины, которая, «как было постулировано» (!), жила примерно 200 тысяч лет назад, «предположительно» (!) в Африке.

Замечаете, как авторы старались дистанцироваться от своих же результатов? Не так как сейчас попгенетики, которые выдают желаемое за действительное, не моргнув глазом и не краснея, а напрямую вместо «предположительно и постулировано», пишут, что это факт. Более того, спустя четыре года часть тех же авторов дезавуировали свои выводы, как недостоверные, но выдвинули другие положения, правда, в целом о том же. Но дезавуирование уже не имело значения, лавина, индуцированная журналистами, уже пошла. Теперь это приобрело характер фантазмагории, фарса, анекдота.

Ну ладно, это западные масс-медиа, которым это надо для агрессивной толерантности, и которые фактически задавили западных же исследователей, но российские-то антропологи из МГУ, им зачем это надо? Публикаций у них мало, цитируемости никакой, и вместо того, чтобы самим заниматься наукой, пусть в отношении «выхода из Африки», но самим, понимаете, они ей не занимаются. А надо, чтобы были свои данные, чтобы было понятно, что они так яростно отстаивают. А сейчас они играют какую-то комедию под названием «найди покемона в Африке», причем совершенно по западным, либеральным правилам. Разговаривать с ними языком науки, действительно, совершенно бессмысленно и бесполезно. Вместо того чтобы заниматься наукой, они устраивают шутовские конференции типа «Ученые против мифов», на которых нет ни мифов, ни ученых. Это что, Соколов ученый? Или Боринская? Или Дробышевский? Или Жуков? Или Чубур? А это – главные докладчики на тех конференциях.

>> ...А поскольку эти люди рулят наукой...

Кто рулит? Перечисленные? Балановский с Балановской? Грешно смеяться, но приходится. Что касается того, что роль попгенетики в настоящее время заключается «не столько в продвижении наших знаний о ранней истории человечества, сколько в возможности привлечь с ее помощью хорошее финансирование в полевые генетические исследования», могу в значительной степени согласиться. Я уже много лет высказываю мнение, что попгенетики – фактически лаборанты, которые собирают данные и дают нам в ДНК-генеалогии возможность выдвигать соответствующие интерпретации. Финансирование, которое они получают, позволяет им это делать, и также по сути финансировать наши исследования. Посмотрите без предвзятости – какие их интерпретации обогатили науку? Или хотя бы были интересными? То, что они добывают и публикуют гаплотипы-гаплогруппы – безусловно, спасибо им за это. А что еще? Что ни интерпретация – это или ничего не значащая пустышка, или повторы того, что мы уже давно опубликовали (только они никогда не ссылаются), или просто ошибка.

Только что (вчера) мне пришел из журнала Human Genetics лист публикаций в апрельском номере журнала, среди них – статья Балановского с соавторами по гаплогруппам и гаплотипам (в основном) армянской диаспоры в южных регионах России, и немного в Грузии, Месопотамии и Передней Азии. Мало того, что перепутали основной субклад гаплогруппы R1b в тех регионах, назвав его Z2130 (вместо Z2103), повторив ошибку несколько десятков раз, но гаплотипы даже не анализировали, не говоря о хронологических расчетах. А там по гаплотипам – кладезь информации. Далее, «открыли» там немало R1a-M458, но гаплотипы на M458 совершенно непохожи, это скорее всего один из карпатских субкладов (который, кстати, потом появился на южных Балканах и в Малой Азии). Базовый гаплотип их «M458» совпадает с предковым гаплотипом восточно-карпатской ветви, а от субкладов M458 отличается на 8 мутаций на 17-маркерных (!) гаплотипах, то есть примерно на 9275 лет (!). Основные выводы статьи откровенно списали у нас (ссылок опять не дали), а именно, что R1b из ямной культуры на запад не ходили, а какие R1b в западной и центральной Европе – они не знают, написали, что «какие-то загадочные». Да это уже всем известно, никакой загадки уже пять лет как нет, все описано в наших статьях в *Advances in Anthropology* (2012).

От дискуссии по флогистону я воздержусь, основная дискуссия уже прошла 250 лет назад. Но обращаю внимание на то, что это была действительно открытая дискуссия, в которую были вовлечены ученые, фамилии которых известны любому любителю химии, не говоря о профессионалах, например, Кавендиш, Бертолле, Лавуазье, а также Джозеф Пристли, который был наибольшим сторонником теории флогистона. Естественно, эта дискуссия обогатила науку, значительно продвинула ее вперед. А самая престижная медаль в современной химической науке – это медаль Пристли, которая присуждается раз в год Американским химическим обществом, в числе ее обладателей – 15 Нобелевских лауреатов. Обратите внимание – Пристли вчистую проиграл многолетний спор о флогистоне, и это не помешало ему оставаться знаменитым ученым. К сожалению, возвращаясь в наше время, должен отметить, что популяристам дискуссии претят, они на дискуссии не идут. Вспомните, что статью [«Вызываю огонь на себя»](#) я закончил обращением к популяристам, и вообще подписантам позорного «письма 24-х» к открытой дискуссии. Ни один и ни одна не ответили, вызов не приняли. Так что богатыри – не они, конечно. Это раньше были открытые дискуссии, сейчас же их заменяют позорные, трусливые письма. Раз вызов не приняли, написал книгу «Кому мешает ДНК-генеалогия», где всех поименно перечислил, и описал, чего они стоят – и опять тишина, ни один или одна вызов не приняли. Вот такой флогистон.

*В.Юрковец* говорит:



[28.03.2017 в 13:22](#)

Вы правы, уважаемый Анатолий Алексеевич – рулят тем, что они называют наукой. А по сути – финансированием того, что они называют наукой. Что касается плагиата в статье Балановского с соавторами – так это их фирменный стиль. Ничего своего им создать не дано, поэтому воруют у Вас и продают в Human Genetics, превращая его в издание-барыгу и опуская ниже плинтуса. Позорище.

*И. Рожанский* говорит:

[28.03.2017 в 13:37](#)

*>> Датировка образования гаплогруппы E – 65200±3100 лет назад (расчеты по снипам). Датировки для гаплогрупп C и F – те же времена, в пределах погрешности расчетов.*

По дате образования все именно так. Я пользовался теми же самыми расчетами, а из них следует, что самый недавний по времени предок ныне живущих носителей гаплогруппы E жил 53000±3000 лет назад. К этой датировке сходятся ветви E-M75 и E-P147, из которых последняя затем продолжает равномерно ветвиться, примерно как на картинке для мито-ДНК собак и волков. Линии, что разошлись с современными в промежуток времени между 64 и 53 тысячами лет назад, либо пресекались, либо еще не найдены ввиду своей крайней малочисленности. Точно такой же зазор в 12-15 тысяч лет между образованием гаплогруппы и “вспышкой” хорошо виден в гаплогруппах C и F. Картинку я давал [в комментарии относительно ископаемой ДНК эпохи палеолита](#). В гаплогруппе C разрывы между субкладами очень большие, а вот сводная гаплогруппа F выглядит как пальма – от голого ствола разом расходится мощный пучок ветвей-гаплогрупп. Такая топология и послужила основанием к фразе, что датировка расхождения около 50000 лет назад – это не фантом.

*>> Далее, «открыли» там немало R1a-M458, но гаплотипы на M458 совершенно непохожи...*

Что-то совсем не везет самой большой европейской ветви R1a. В известной статье Андерхилля с соавторами 2014 года ее, например, умудрились не обнаружить в выборке из Белоруссии. Там было всего 34 гаплотипа, но даже на ней трудно представить, как можно проглядеть центрально-европейскую ветвь, к которой во всех остальных выборках относится порядка 20% белорусских R1a. В 17-маркерном формате ее распознать несложно, и в списке белорусских гаплотипов ее у Андерхилля действительно нет. После таких чудес возникают серьезные вопросы по репрезентативности популяционно-генетических выборок и первичной обработке материала. Если есть возможность, предпочтительнее

работать с данными, собранным экспертами-криминалистами, даже без снипов. Они таких вольностей себе не позволяют.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[28.03.2017 в 19:47](#)

>> *Археологи или палеонтологи могут только мечтать о размерах грантов и уровне оборудования, что сейчас задействованы в популяционной генетике.*

>> *Дело отнюдь не в "бедственности". А в том, что для получения финансирования нужно иметь "положительный отзыв" у каких-то действующих научных кругов.*

Это тот случай, когда оба правы, тем более потому что говорят о разных вещах. Игорь Львович – о фактической стороне, Виктория Викторовна – о причинах, и в косвенном виде – о путях решения проблемы. И это относится к сложной в современной науке организационной проблеме – почему многие исследователи и научные направления плохо финансируются, а другие – очень даже неплохо, и как достичь «справедливости», хотя справедливости никогда не бывает. Это в свою очередь тянет проблему «объективной оценки значимости и эффективности научной работы».

Как решить эту проблему – давно известно, только «гладко было на бумаге, да забыли про овраги». Основных причин плохого финансирования (или его отсутствия) три – (1) работы никому не нужны, не приоритетны и неинтересны, (2) работы неплохие или даже хорошие и важные, но авторы сами делают свои работы никому неизвестными, публикуются в малоизвестных журналах, и игнорируют пропаганду своих достижений, так, копаются потихоньку, и всё, и (3) работы важные и интересные, но систему финансирования и редколлегии журналов захватила спаянная группа людей, создавшая по сути коррупционную систему, и пропускают для публикаций и финансирования только «своих», с их посредственными работами. А посредственные – это следствие коррупции, при коррупции хорошего не бывает. Стимула нет. И так сойдет.

По моим оценкам, большинство научных сотрудников попадают в первую группу. Они копаются в чем-то, интересном только им, или занимаются этим по традиции, по-накатанному, результаты не публикуют, или публикуют для галочки, в местных изданиях, которые никто не читает. Они обычно жалуются, что их «зажимают», «не ценят», «относятся несправедливо». Часто это научные сотрудники учебных заведений, особенно (но не обязательно) провинциальных. Не обязательно, потому что показательный пример – известные нам сотрудники кафедры антропологии МГУ Дробышевский, Соколов,

Пежемский и другие, которые горазды на демагогические заявления, на охоту за «фриками», но демагогия в науке не ценится, как и ее авторы. Цитируемости на их работы нет, хотя в пиаре они преуспели. Так что они ко второй категории выше не относятся, исключительно к первой.

Из оставшихся, очень многие научные работники попадают во вторую категорию. Вообще в России это перманентная проблема – подавляющее большинство не уделяют внимания изучению иностранных языков, не публикуются в англоязычных журналах (или вообще в читаемых международных журналах), выпадают из «круга чтения» большинства профессиональных коллег, и соответственно почти не цитируются. Отсюда – и значительно меньшие шансы на получение грантов и прочего финансирования. Круг замыкается. Кстати, финансирование идет не только по линии правительственных и академических грантов, это и финансирование частными компаниями, организациями, меценатами. Но для тех, кто находятся в первых двух категориях, эти возможности тоже практически отсутствуют.

Третья категория относительно малочисленная, но коррумпированная «спайка» против них наносит максимальный вред науке. Это мы наблюдаем сейчас с ДНК-генеалогией, которую обкладывает коррумпированная система, сложившаяся с подачи популяционной генетики и в силу бытующей там ситуации в последние 10-20 лет. Журналы там обложили, статьи автоматически отклоняют, чем не раз бахвалился Балановский, поэтому мы пошли другим путем – журналы свои, книги свои, вебсайты свои, информационное обеспечение своё, организационная структура (в том числе Академия) – своя. А поскольку направление действительно интересное, приоритетное и важное, то обложить нас не получается. Финансирование нам особое пока не нужно, хотя и не помешало бы. Как видите, мы и без него активно продвигаемся.

>> *Что-то совсем не везет самой большой европейской ветви R1a.*

Не везет с попгенетиками. У нас-то R1a-M458 везет, и совсем неплохо, начиная с 2009 года, то есть уже 8 лет. А именно, после публикации в Вестнике (И.Л. Рожанский и А.А. Клёсов) большой статьи по R1a, в которой была выделена центрально-европейская ветвь R1a, и в том же году ее в лаборатории Underhill в Стенфорде назвали M458 и ввели в классификацию ISOGG. А после того у попгенетиков с ней пошли действительно невезения. То датируют не так (Underhill, Балановские и другие, 34 автора, 2010) и всю историю славян перекорезают (те же и Клейн), то M458 не найдут в Белоруссии (!), то, напротив, у армян найдут в изобилии (Балановский, 2017). Я не могу исключить, что в последнем случае это какая-то другая ветвь M458, возрастом 9 тысяч лет, что крайне маловероятно, или «так типирование показало, и давайте об

этом забудем», но что-то много «невезения». Балановские – это какие-то негативные персонажи с черной палочкой – до чего ей ни дотронутся, все в труху превращается.

Сергей говорит:

[29.03.2017 в 01:05](#)

В связи с комментарием Анатолия Алексеевича стоит упомянуть, что в России в научной среде все чаще раздаются голоса, о том, что наукометрические критерии себя не оправдывают, [ссылка](#). Я написал комментарий такого смысла, что это отговорка для тех, кто не смог реализоваться по показателю Индекса Хирша, на что получил очень любопытный ответ от научного сотрудника, преподавателя, вот он:

*“...индекс Хирша это абсолютно субъективный показатель. У нас в университете среди гуманитариев самый высокий индекс – 10 у профессора, преподающего на курсах повышения квалификации что-то типа педагогики высшей школы. Итогом курсов является публикация статьи в ваковском журнале (он у нас свой), экспертом, принимающим статьи к публикации является он сам, условием публикации – ссылки на его работы. Что-то требует пояснения? Другой прием: научный руководитель не подписывает своим аспирантам отзывы на статьи, пока не увидит в тексте ссылки на свои работы. Вполне академический пример: два-три человека договариваются о взаимном цитировании. И эти примеры можно продолжать и продолжать”.*

Согласившись с существованием самого факта таких злоупотреблений, мне пришлось возразить, что дело не в самом методе оценки, который сам по себе объективен, а в том, что плохо осуществляется контроль в этой сфере, а также привел еще один пример – когда в авторах статьи несколько (до нескольких десятков) соавторов, а индекс идет в зачет каждому. Привел также аналогию, которая заключается в том, что не закон плохой, а его исполнение, так часто бывает. На что получил возражение от одного маститого (по Хиршу) астрофизика, приведу его полностью:

*“Закон плохой. Хирш вообще то придумывал свой индекс для физики и смежных с ней наук, типа астрономии или геофизики. Вообще то он его придумывал просто из интереса. Знал бы, что его начнут околонуточные бюрократы направо и налево использовать – не стал бы придумывать. Вообще то при экспертизе на западе его применяют в совершенно определенных случаях, и уж всяко не для гуманитариев и не в прикладных науках. Ну насчет самоцитирований и числа соавторов. Так ведь легко его можно считать без учета самоцитирований соавторов работ. Вот у меня он по Web of Science 34, а если все самоцитирования всех соавторов вычесть, то будет 23. А можно еще после вычитания самоцитирований разделить оставшееся цитирование статьи на корень квадратный из числа соавторов, и посчитать потом индекс*

*Хирша. А можно еще учитывать только цитирование в журналах из топ 25% по импакт фактору. Нет предела улучшений в борьбе с накрутками... Но гуманитарии то здесь причем ? А уж тем более российские вузовские преподы с их учебной нагрузкой, не оставляющей время на научную деятельность”.*

С ним я дискутировать не стал, так как знаю его позицию, что он принимает только правильные, по его мнению, журналы, и вообще, его чиновничий, бюрократический подход к науке. Кстати, один из борцов с “лженаукой”, который обычно поддерживает “политику партии”, которую, в свою очередь, часто исповедуют или проводят известные представители третьей категории, хотя может быть – это простое совпадение. В общем, не интересно.

Тарас Н. говорит:

[29.03.2017 в 01:48](#)

Пока я отвлекся на несколько дней на дела насущные, обсуждение в предыдущей теме было успешно закрыто. Я там оставил пару комментариев, на которые получил другие комментарии с предложениями и вопросы, а так как оставлять вопросы без ответа есть плохая практика, то я, с позволения ведущих, оставляю свои ответы здесь – все равно ведь они относятся к обсуждаемой теме. Итак, начну с конца:

*>> Но перед тем, как приступить к этой работе, задайте себе вопрос – что Вы хотите узнать, для чего строите дерево? Вопросы, которые задавал себе я, были простыми – узнать, образует ли дерево симметричную, единую систему для основных гаплогрупп (мужского) населения планеты, и если да, то какой возраст общего предка совокупности этих гаплогрупп.*

С удовольствием отвечаю: да, круговой формат дерева трудно читаем для меня и только для меня. А поскольку я (говорю только за себя) хотел бы разобраться в вопросе, то и изменения формата дерева для меня важно. Что я хотел бы увидеть? Я хотел бы посмотреть на расположение гаплогрупп относительно друг друга на дереве. Для этих целей, равно как и для заявленных целей Вашей работы, показ каждого гаплотипа в каждой отдельно взятой гаплогруппе совершенно необязателен. Это было бы важно только если бы делался анализ расположения одного или нескольких отдельных гаплотипов. Но таковой задачи не стояло, верно? Поэтому представление дерева в традиционном виде позволило бы сжать ветки гаплогрупп и уменьшить формат дерева. В этом случае, много страниц для отображения дерева не потребовалось бы, уверяю Вас. Одной А4 хватило бы с лихвой, и даже половины. Я обычно пользовался программой MEGA для деревьев, но функция сжатия ветвей невозможна для круговых деревьев. Я думаю, программа, которой Вы пользовались, позволяет экспортировать файл в формат \*.nwk или другой формат.

Гипотеза В.П. Юрковца о катаклизме планетарного масштаба и моё мнение об этой гипотезе. Анатолий Алексеевич, Вы совершенно правы, моё мнение в данный момент есть мнение “по понятиям” – сжатое, неаргументированное и крайне субъективное, т.е. имеет вид комментария к обсуждаемой статье. Это не мнение некоего арбитра, как Вы выразились, но мнение читателя, который “примеряет” прочитанное к своим знаниям и представлениям. Я готов представить своё мнение в более развернутой форме. Но от публикации в Вестнике, боюсь, вынужден отказаться – на нормальную научную статью или просто рецензию моё мнение вряд ли потянет. Я ушел из науки несколько лет назад, занимаюсь другими делами и в редкое свободное время стараюсь закончить работу по которым у меня есть своего рода обязательства. Да и доступа к литературе я уже не имею. Какие уж тут новые публикации? Только комментарии “по понятиям”. Но, повторюсь, я готов представить своё мнение в более развернутой форме, если это интересно.

*И. Рожанский* говорит:

[29.03.2017 в 06:26](#)

>> *Журналы там обложили, статьи автоматически отклоняют...*

...а если не отклоняют, то вынуждают авторов играть по их правилам, зачастую переходя грань научной этики. Любители со стражем, может быть, помнят историю статьи авторов из Венгрии, которые провели типирование полевой выборки на только что открытый (не попгенетиками!) снип Z93 задолго до того, как это стали делать “мэтры”, а для интерпретации привлекли данные FTDNA и нормальные расчеты датировок. Их небольшую по объему статью последовательно отклоняли из нескольких журналов, и после более чем годичного путешествия по редакциям она вышла в серьезном, но не профильном для генетиков журнале в сильно урезанном и искаженном виде – без анализа выборки FTDNA и с “эволюционными скоростями”, утратив за это время новизну и шансы получить хорошее цитирование. Самое интересное в этой истории то, что из лабораторий, где, очевидно, трудятся рецензенты, поставившие шлагбаум, вскоре потоком пошли публикации, где про субклад Z93 говорилось как о само собой разумеющемся, “эволюционные скорости” вывели из обращения без единого комментария, а ссылки на коммерческие выборки стали вполне “легальными”. Разумеется, ту статью в них, как правило, не цитировали, а если и упоминали, то для массовки.

Замалчивание источника информации – это не менее популярный способ поднять собственную значимость. Автору этих строк лично пришлось столкнуться с такой манерой, когда в престижном онлайн-журнале PLOSone вышла совместная статья попгенетиков из Тарту и

генетиков-криминалистов из Минска с анализом выборки Y-ДНК белорусов. Ее выводы никак не вытекали из анализа по принципиальным компонентам в секции “результаты”, потому что были фактически списаны с другой статьи, вышедшей в белорусском журнале “Наука и инновации” за несколько месяцев до отправки в редакцию PLOSone. Нетрудно догадаться, что никакой ссылки не было, и это при том, что нестыковка выводов и анализа была видна невооруженным глазом, а двое соавторов из Белоруссии были также соавторами статьи в “Науке и инновациях”. Либо они сами не решились включить собственную статью в список литературы из-за боязни подвергнуться остракизму за сотрудничество со “лжеучеными”, либо это их заставили сделать эстонские соавторы, проведя заодно промывку мозгов. Грубейшее нарушение научной этики налицо. Не хотите цитировать, ваше дело, но тогда, будьте добры, не воруйте чужие результаты, а предложите собственную трактовку, исходя из своей парадигмы.

*И. Рожанский* говорит:

[29.03.2017 в 08:32](#)

Небольшой комментарий про заставку, точнее, автора воспроизведенной на ней картины. Это знаменитый чешский художник Зденек Буриан (1905-1981), проиллюстрировавший за свою жизнь сотни книг и альбомов, посвященных прошлому Земли. Он по сей день остается непревзойденным мастером реконструкции облика древних людей, животных и растений. Точность Буриана в следовании научным данным поражала профессиональных антропологов и палеонтологов, а по художественным достоинствам его иллюстрации и тематические циклы картин многократно превосходили работы коллег по цеху, в которых динозавры или неандертальцы зачастую выглядели как плохо набитые чучела. По сути, мы все, включая профессионалов и составителей программ для компьютерной реконструкции, видим доисторический мир глазами чешского мастера. Когда другой великий мастер реконструкции, М.М. Герасимов, лепил скульптурные портреты первобытных людей, он (намеренно или подсознательно) руководствовался картинами З. Буриана при оформлении деталей, которые нельзя восстановить по черепу. В этом нетрудно убедиться, если сравнить прически, детали одежды и украшения.

Строго говоря, мы не знаем, как в действительности выглядели люди, изображенные на заставке. Почти наверняка они украшали себя татуировками, раскраской, перьями, делали сложные прически, и художник, разумеется, знал это, поскольку подробно изучал этнографические материалы. Но он намеренно не пошел по пути фантазийной детализации (как сейчас делают телевизионщики), потому что за ней исчез бы главный посыл его творчества – дать нашим

современникам взгляд в прошлое, которое существовало в реальности, а не было кем-то придумано, как обсуждающийся здесь “выход из Африки”.

*Anton* говорит:

[29.03.2017 в 09:39](#)

Spoštovani Anatolij Aleksejevič, predvidevam, da če bi Vam bil E. Willerslev pripravljen dati celotne sekvence kromosomov Y, da bi Vi znali z njih razbrati več kot njegovi sodelavci. Lepo pozdravljeni vsi!

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.03.2017 в 21:53](#)

>> ...predvidevam, da če bi Vam bil E. Willerslev pripravljen dati celotne sekvence kromosomov Y, da bi Vi znali z njih razbrati več kot njegovi sodelavci.

Уважаемый профессор из братской Словении, мне не нужно было давать E. Willerslev полную последовательность Y-хромосомы, у него и так она есть. Более того, у него (у его сотрудников) есть вся информация для того, чтобы извлечь оттуда десятки (а на самом деле сотни и тысячи) снипов и гаплотипы протяженностью в сотни маркеров. И они прекрасно знают, как их извлекать. Но им это не нужно, вот в чем проблема. Им не нужно, потому что поплывут их выводы, а это тем более не нужно. Вот так своими руками «широкогеномные» популяционные отталкивают науку. Вот это действительно трагедия современной «широкогеномной» науки.

*Oleg* говорит:

[29.03.2017 в 11:10](#)

По большому счету, по-человечески министра Коллинса понять можно, наверняка, хороший администратор, с медицинским образованием. Гранты выделялись министерством, т.е. это деньги налогоплательщиков и за них надо отчитаться. А тут уже подоспели статьи в Nature. Посмотрел абстракты – «выход из Африки». Посмотрел на базу исследований – 787 полных геномов из 280 популяций на две работы – два раза вокруг Земли объехали. Все данные хорошо обработаны и графически представлены тоже хорошо. Посмотрел на авторов – серьезные большие коллективы 79 и 75 авторов, можно доверять. А тут еще в Nature независимое (Эстония – это где?) тоже серьезное исследование – 483 генома, 125 популяций, 98 авторов – с тем же результатом. Можно отчитываться – деньги потрачены не зря, «мы все



африканцы», с независимым подтверждением результата. Продолжаем, ребята, приходите за грантами. Круг замкнулся...

*Валерий* говорит:

[29.03.2017 в 19:23](#)

Поражает изворотливость апологетов выхода из Африки, мифотворчество в человеке неистребимо, в век компьютеров и нанотехнологий мифы плодятся в геометрической прогрессии.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.03.2017 в 21:44](#)

*>> стоит упомянуть, что в России в научной среде все чаще раздаются голоса, о том, что наукометрические критерии себя не оправдывают...*

Ничего удивительного. Посмотрите на состав тех трех категорий, которые я описал выше, это и есть в основном те люди, которые призывают не рассматривать цитирование как показатель эффективности научной деятельности. А поскольку обитателей первых двух категорий подавляющее большинство в российской науке, то опять же ничего удивительного в том, что подавляющему большинству не нравится, когда их оценивают по цитируемости.

По тому, как научные сотрудники оценивают свою цитируемость, и цитируемость вообще как инструмент оценки научной деятельности, можно много о каждом из них сказать. Вот пример положительный. Мой приятель, который живет и работает во Франции, русского происхождения, когда-то окончил Физтех (в Долгопрудном) и стал известным ученым европейского масштаба, хотя занимается крайне математизированной областью, математической физикой. На должность (и звание) пожизненного профессора его в свое время утвердил лично президент Франции Жак Ширак, по ходатайству университета Ниццы. Во Франции иностранцу стать пожизненным профессором очень непросто. Так вот, я обратил внимание приятеля, что его цитируемость хоть и неплохая, но ниже той, которую можно ожидать от ученого его уровня. Какая, вы думаете, была его реакция? Что он сказал, что его направление узкое, специалистов мало, потому и цитируемость меньше ожидаемой? Ничего подобного. Он покачал головой и сказал – «это непорядок, надо поднимать», и тут же прикинул план, как это делать – опубликовать больше статей в ведущих журналах, ускорить сдачу в печать книги, с которой затянул, выступить на нескольких ведущих конференциях, и так далее. Вы видите подход настоящего ученого? Он, который был далек от изучения цитируемости, сразу схватил важность этого дела, и тут же предпринял конкретные меры.

Сегодня я посмотрел его цитируемость, спустя несколько лет после нашего разговора, она стала заметно лучше. Чтобы быть конкретным, приведу ее (число ссылок на его статьи в порядке уменьшения цитируемости, вплоть до порядкового номера статьи, при котором число ссылок больше или равно этому номеру): 463, 333, 313, 114, 106, 97, 93, 88, 85, 54, 53, 41, 41, 39, 39, 34, 33, 32, 25, 24, 23, 23. Индекс цитируемости (Хирша) равен 22. Потому что следующая (по цитируемости) статья имеет порядковый номер 23, а на нее только 22 ссылки, поэтому она уже не считается. Индекс цитируемости 22 – это не огромный, но вполне приемлемый для хорошего ученого. Это на уровне многих российских академиков РАН (или выше их цитируемости). Напомню, что по негласному правилу в США кандидат на должность полного профессора должен иметь индекс цитируемости не ниже 15. Хотя понятно, что только индекс цитируемости никто не рассматривает, порой «однорукая чернокожая лесбиянка со СПИДОМ» является для некоторых учебных заведений значительно более ценным приобретением, чем любая цитируемость.

Вот, например, цитируемость академика РАН, биолога, директора Института общей генетики: 175, 155, 131, 106, 100, 76, 69, 46, 44, 41, 39, 34, 33, 33, 33, 33, 30, 29, 28, 27, 25, 24. Индекс цитируемости равен 22. Правда, направление несравненно более широкое, но вряд ли этому стоит придавать большое значение. Еще вопрос, где будут больше (или меньше) цитировать – в широком направлении или в узком, поскольку в широком конкуренция для ссылок больше, и скорее могут ссылаться на других при прочих равных факторах.

Вообще начинать оправдывать свою низкую цитируемость, жонглируя всеми возможными причинами – это, в первую очередь, неэтично. Сразу характеризует человека. Вспоминается ситуация с Л.С. Клейном, описанная ранее на Переформате (в статье [Что говорит Google Scholar о пчёлах и их вкладе в науку](#)), на которого цитируемость оказалась куда как маленькой. Клейн читает Переформат, и поэтому сразу отреагировал, как и положено человеку неэтичному и всячески изворачивающемуся. Он завел обычную песню, что на статьи в гуманитарных направлениях не ссылаются, ссылаются только на естественнонаучные, что он знаменитый, и у него 40 книг, и что цитируемость в его направлении нельзя принимать во внимание. Я ответил, что пусть он посмотрит на цитируемость David Anthony, который работает в той же области, что и Клейн, а именно археология южнорусских степей. Так что Клейн просто плохой танцор, которому многое что мешает. А то, что 40 книг совсем не цитируются, говорит просто о том, что они либо непрофессиональны, либо не читаются, либо читаются, но не цитируются, уж не знаю, что хуже. Так вот, цитируемость David Anthony, сегодняшние данные: 702, 587, 245, 207,

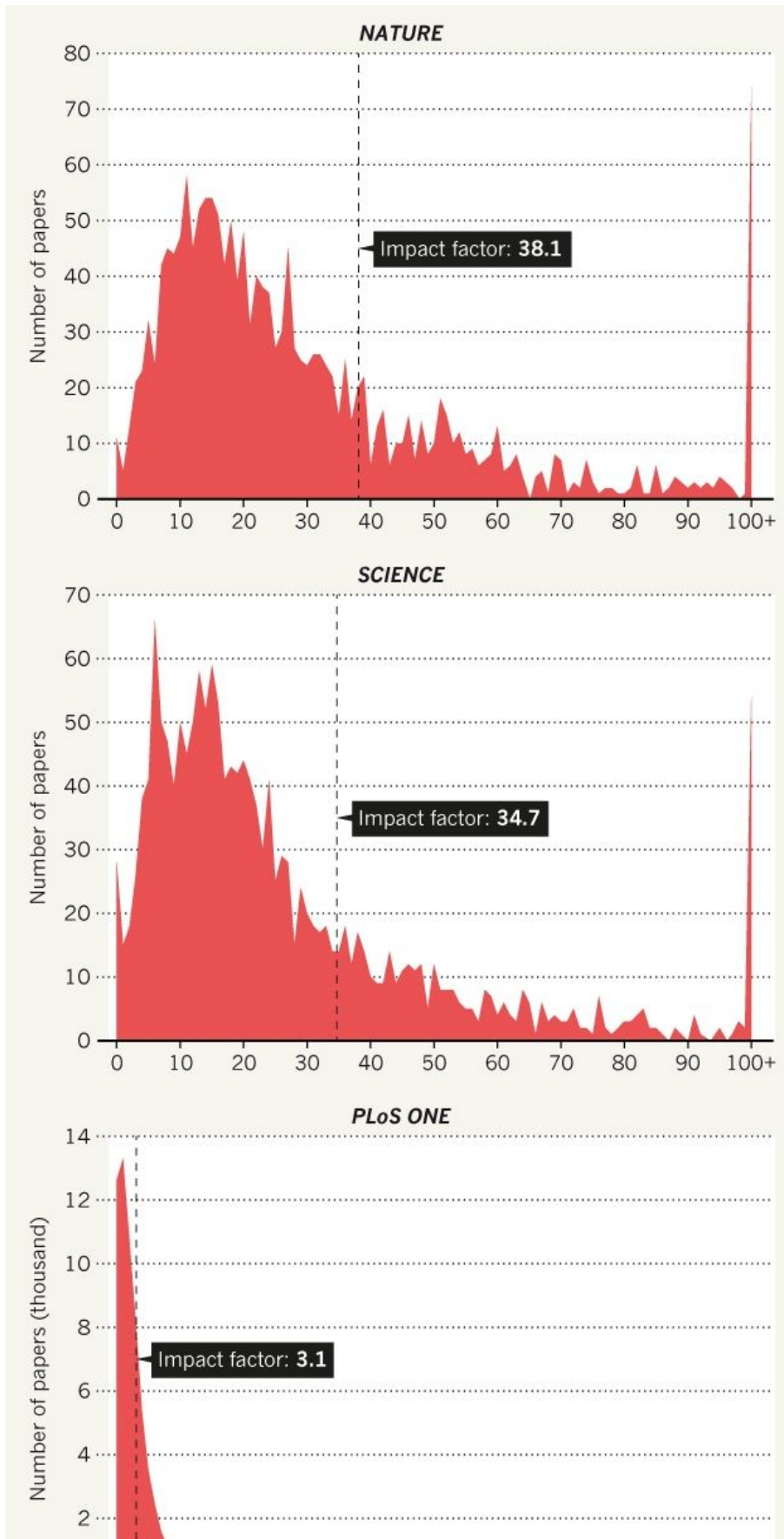
164, 149, 146, 112, 99, 98, 80, 77, 73, 68, 53, 53, 47, 45, 30, 29, 28, 25, 24, 24. Индекс цитируемости – 24. Не чета Клейну. Клейн, конечно, сейчас опять начнет выкручиваться, что Антони публикуется на английском языке, и у него больше читателей. Да, конечно. Но не надо подменять основной тезис цитирования как инструмента – оно показывает **вклад в международные информационные потоки**. Нет цитирования – нет вклада. Работа была, бумагу извели, чернила потратили, в том числе электронные, а вклада нет. Речь-то не о том, что Клейн старался, килокалории терял, брюки просиживал, а о вкладе в международные информационные потоки, а их числом статей и книг уже давно не измеряют. Измеряют откликом коллег по системе обратной связи.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.03.2017 в 21:44](#)

А мнений много, действительно, но что нам мнения? У меня вот свое мнение, но в отличие от академика Паршина, на мнение которого Вы, уважаемый «Сергец», дали ссылку, я даю конкретные примеры, а не ограничиваюсь общими декларациями. Вот, кстати, цитирования на его работы: 309, 125, 116, 103, 99, 71, 52, 51, 45, 38, 32, 32, 28, 26, 21, 20, 19, 18. Индекс цитируемости – 18. У меня, кстати, индекс цитирования 27, так что в обсуждении этого инструмента мое мнение не менее весомо, чем мнение Паршина. Вполне возможно, что его индекс ниже, потому что область узкоспециальная, это алгебраическая геометрия и теория поля (судя по его статьям), но ведь более трехсот ссылок на свою самую цитируемую статью набрал, а потом резкий сброс при той же когорте специалистов в мире. Может, потому что самая цитируемая статья – в математической энциклопедии (1999), и автор он там не один, и не главный автор, фамилия главного автора там подчеркнута... Но и это не стоит обсуждать, цитирование есть цитирование.

Что же касается содержания его выступления перед гуманитариями, то оно по сути пустое, голословное, ни одного конкретного примера не привел, и намешал туда много разного, сместив понятия. Например, много говорил про «импакт-фактор», и что многие в мире против использования его в личных целях. Естественно, многие против, и я тоже против того, что этот «фактор», что есть среднее цитирование статей по всему журналу, начали вводить в свои CV (резюме) отдельные специалисты, что, мол, опубликовал статью в Nature, а там «импакт-фактор» 38.1, и это выдается за достижение данного конкретного автора. А на самом деле цитирование его конкретной статьи равно нулю, что бывает и в Nature, см. диаграмму ниже (данные 2013-2014 гг).



Здесь показано, что в среднем статьи в Nature цитируют (округленно) 38 раз, статьи в Science 35 раз, а статьи в PLOS – 3 раза. В то же время эти цитирования распределяются между статьями крайне неравномерно. В Nature относительно небольшая доля статей цитируется между 0 и 15 ссылок на статью, а большинство – от 15 до 100 и больше ссылок на статью. В Science – примерно так же. А в PLOS – больше 15 ссылок на статью практически не наблюдается, а в основном – по 2-3 ссылки на статью. Здесь было упомянуто, что PLOS – это «престижный» журнал, но, как видим, его престижность – это в значительной степени фантом. А если учесть, что в этом журнале публикации не просто платные, а за них берут по 2500 долларов за публикацию (это, видимо, в счет «престижности»), то картина поворачивается совсем по-другому. Естественно, при оценке конкретных исследователей нужно учитывать не журналы, в которых они публикуются (часто в составе коллективов из десятков человек, как часто в поппенетике), а цитируемость статей этих конкретных исследователей. Но Паршин в своем докладе это поворачивает как возражение против учета цитируемости как эффективности оценки научных работ. Вводит гуманитариев в заблуждение.

Вводит Паршин гуманитариев в заблуждение и относительно «бума публикаций в Китае». Это не имеет никакого отношения к цитируемости. Это имеет отношение к раздуванию числа публикаций за счет создания многочисленных фейковых журналов, но они как раз имеют нулевые цитируемости. То есть здесь Паршин передергивает тему, и фактически показывает, почему нужна оценка цитируемости.

Естественно, любое хорошее дело можно якобы дискредитировать приведением единичных примеров жульничества, или искажения, извращения основного положения. Например, можно выступать против оценок учеников в школах, потому что и из двоечников, бывает, получают академики. Тогда, мол, зачем оценки? Но если посчитать, из какого числа двоечников академиком не получилось, то статистика окажется убедительной, правда, наоборот. Это всё называется демагогией, и академик Паршин это наглядно показывает.

Понятно, что не всё можно измерять цитируемостью в научных журналах. Что, Путина, Обаму или Трампа с Меркель активно цитируют в научных журналах? Но их деятельность на другое направлена, где их неплохо знают, и оценивают их достижения в другой системе координат. Но если претендуешь на науку, на вхождение в международные информационные научные потоки, то будь добр в них входить, а не симулировать «научную деятельность», и жонглировать понятиями типа «ваковские журналы», это для другого, а именно, чтобы отсеять симуляцию с публикациями. До цитирования там далеко.

*>> ...индекс Хирша это абсолютно субъективный показатель. У нас в университете среди гуманитариев самый высокий индекс – 10 у профессора, преподающего на курсах повышения квалификации что-то типа педагогики высшей школы.*

Очередной пример откровенной демагогии. Что такое «у нас в университете среди гуманитариев»? Мы же говорим о международных таблицах цитируемости, а не «у нас в университете». Я уверяю, что этого профессора в этих международных таблицах нет. И вообще, что опять за голословность? Пусть даст фамилию, это можно проверить. Но это не подтвердится, потому что дальше демагог говорит о том что эти «цитирования» под давлением идут в некоем «своем журнале». Скорее всего, такой журнал и не попадает в списки учета цитируемости, речь идет о международных информационных потоках. Я же говорил, что эти «акробаты»-демагоги всё что угодно придумают, и единичные примеры подберут, чтобы исказить и извратить основное положение. Это же относится и к «два-три человека договариваются о взаимном цитировании», но на индекс выше двух-трех это влияние не оказывает.

Я занимался изучением научного цитирования и всевозможных факторов «за» и «против» еще с начала 1970-х годов, когда свежезащитившимся кандидатом наук был приглашен академиком (тогда еще член-корреспондентом) В.А. Кабановым быть ученым секретарем Комиссии по наукометрии. И за годы я всю ту демагогию «противников цитируемости» изучил вдоль и поперек, на сотнях примеров. Они всегда жульничают, конкретных примеров не дают, а если дают – то выдернутых из контекста, или самими придуманных. Пока лучшего показателя, чем индекс Хирша, не нашли. Это не значит, что лучшего нет, но пока не нашли. А противники ничего своего взамен не предлагают, как тот же Паршин, они только критикуют. Сейчас это ведет к очевидному – никакой реформы РАН, ни за что, пусть все остается, как было и как есть.

Что, интересно, они ответят на то, что членам Национальной Академии наук США никаких «стипендий» или зарплат Академия не платит. Они получают свои деньги только по месту работы, в университетах (как правило) или институтах, за конкретные консультации (опять не в Академии) и так далее. Напротив, они платят в Академию ежегодные членские взносы, несколько сот долларов в год, для того, чтобы ее поддержать. Вот такая реформа в первую очередь нужна РАН. Но РАН реформы боится как огня. И понятно, почему.

*>> Но гуманитарии то здесь причем ? А уж тем более российские вузовские преподы с их учебной нагрузкой, не оставляющей время на научную деятельность.*

Ну и замечательно, преподавание – благородное дело. Только тогда не нужно называть это наукой, не нужно применять критерии цитируемости для оценки эффективности их преподавательской деятельности, а применять другие критерии – отзывы студентов и аспирантов, написание учебников, введение новых учебных курсов, да мало ли что? И таких демагогов я встречал бесчисленное множество.

*Сергец* говорит:

[30.03.2017 в 04:23](#)

*>> Только тогда не нужно называть это наукой, не нужно применять критерии цитируемости для оценки эффективности их преподавательской деятельности...*

Положим, астрофизик прав насчет российских преподавателей вузов, а как же тогда о гуманитариях в целом? Он же в первую очередь про них писал. Приведенный Вами же, уважаемый Анатолий Алексеевич, пример с Anthony наглядно показывает, что дело не в “законе” (показатель цитируемости), а в “танцоре”, и Anthony не исключение, не единственный пример среди гуманитариев.

*>> И таких демагогов я встречал бесчисленное множество.*

Так в чем тогда демагогия? С астрофизиком Вы, получается, согласны? Или речь здесь о преподавателе и её комментарии? Так она также не согласна с применением к ним, “вузовским преподавателям с их нагрузкой”, показателя по Хиршу, но с исключением совсем из науки навряд ли согласится. Или же стоит вести речь о том, кто ты прежде всего, ученый или преподаватель?

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.03.2017 в 20:42](#)

Уважаемый «Сергец», предмет дискуссии, на мой взгляд, исчерпан, если не продолжать с конкретными и убедительными примерами. Общие слова здесь не работают. Заметьте, я все свои положения сопровождаю конкретными примерами, и не работаю в поле «мнений» и общих разговоров.

Что касается «прав астрофизик», или неправ, то такой категоричности в общем случае не бывает. Дело не в выхватывании чего-то из контекста, например, смотрите, был двоечником, а стал академиком. А другие говорят – «в самом деле, он прав!». Дискуссия же не о том, может ли двоечник стать академиком (ответ – да, может), а в том, нужны ли оценки в школах (ответ – да, нужны). Поэтому я всегда призываю четко (по

возможности) сформулировать предмет дискуссии. Если вопрос – нужно ли использовать индекс цитируемости в оценке эффективности научной работы (понимая эту эффективность как вхождение в международные научные потоки), то ответ – да, нужно. Если вопрос – а бывают ли исключения?, то ответ – да, бывают. Но не они определяют общую картину. Например, научные работы секретные, закрытые. Но там уже другие критерии оценки научной работы, им цитируемость не нужна. Если результатом их научной работы стало создание новой баллистической ракеты, то зачем там цитируемость? А если эта ракета взорвалась при первых же испытаниях на стартовом столе, то оценка эффективности работы резко меняется, и цитируемость опять же не нужна.

Но демагоги валят всё в одну кучу. Я с трудом могу понять, какую цель они при этом преследуют, либо они просто глупы, и не понимают, в чем суть дискуссии, либо у них своя цель и задачи. Какие их цели и задачи – есть варианты.

Про преподавателей, у которых просто нет времени заниматься наукой, или занятия наукой им не нужны, разговор отдельный. Критерии оценки эффективности преподавания у них не определяются цитируемостью, и надо использовать те критерии, которые наиболее приоритетны в данном случае, какие – я уже отметил в предыдущем сообщении.

*>> Или речь здесь о преподавателе и её комментарии? Так она также не согласна с применением к ним, “вузовским преподавателям с их нагрузкой”, показателя по Хиришу, но с исключением совсем из науки навряд ли согласится.*

Так и я не согласен, что к преподавателям, которые почти не занимаются наукой, или совсем не занимаются, нет смысла применять критерий цитируемости в научной печати. Но есть исключения – когда эти преподаватели везде сообщают, что они «ученые», или даже «официальные ученые», и имеют наглость «учить жизни» в науке тех, кто бесконечно выше их по научному признанию, в том числе и по цитируемости. Да, вы поняли, что в данном случае я имею в виду Соколова, Дробышевского, Жукова, Чубура, Боринскую, которые провозгласили себя «официальными учеными», и вынесли это в виде баннера на свои потешные конференции. В науке их при этом нет. Ну, может, немного, на хвосте, Боринская, цитируемость которой для геномной лаборатории смехотворно мала. И понятно, почему – то она занимается алкоголизмом (основная тематика лаборатории), то присоединяется к поппенетикам с им примитивными статьями, то бегаёт с доносами в комиссию при РАН, то выступает с русофобскими комментариями в зарубежных политических журналах, откуда там наука? А остальные «официальные ученые» в науке вообще ничем не



отметились, и их индекс цитирования это показывает. Он или равен нулю, либо для его счета достаточно двух пальцев на руках.

Что касается «исключения из науки», с которым преподаватели «вряд ли согласятся» – то никто их «исключать» не собирается. Это как в футболе – никто не исключает из футбола те команды, которые находятся в любительской лиге, но у них есть шанс со временем перейти в Российский футбольный союз, далее в лигу национальную, и, наконец, в Российскую премьер-лигу. Но если любители будут выступать с заявлениями, что они «официальные футболисты», то их засмеют. В науке же более завуалировано, те обманутые, кто сидят в зале на этих потешных конференциях, на самом деле верят заявлениям, что на сцене – не клоуны, а «официальные ученые». И разобраться с этим сразу помогает индекс цитируемости.

Давайте так – я обращаюсь к потешным «официальным ученым» с предложением выступить мне на следующей конференции с тем, чтобы обозначить, кто из них «официальные ученые», откуда это следует, и какие «мифы» они там «разбирают». Как думаете, согласятся? Ответят? Или тут же спрячутся под лавки?

**Дополнение.** Ко мне сегодня обратился русский читатель Переформата (из Калифорнии, по-моему), физик, и попросил выяснить его индекс цитируемости. Оказалось, у него индекс равен 35. Я его искренне поздравил с таким достижением. Дал только первые несколько чисел цитируемости его статей – 825, 490, 390, 307, 297, 297, 255... Ну, кто будет сомневаться в его научном вкладе? Его статьи активно читаются и цитируются, и, конечно, не без причины.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[29.03.2017 в 21:53](#)

>> *А поскольку я... хотел бы разобраться в вопросе, то и изменения формата... для меня важно.*

Ну так за чем дело стало? Я объяснил, что и как надо сделать. Базы данных открыты, никто не мешает извлечь те самые гаплотипы, плюс те, что появились за прошедший год. Заодно и проверите на бóльшем числе гаплотипов, тоже хорошо.

>> *Что я хотел бы увидеть? Я хотел бы посмотреть на расположение гаплогрупп относительно друг друга на дереве.*

Это всё показано на дереве, приведенном в статье. Хотите проверить сами – см. мое предложение выше.

*>> ...представление дерева в традиционном виде позволило бы сжать ветки гаплогрупп и уменьшить формат дерева.*

Опять же см. выше. В чем проблема-то? Или Вы хотите себе сэкономить несколько часов? Или даже день? Ну тогда Вам это не очень нужно. Или Вы предпочитаете, чтобы время потратил я? Это как-то не очень честно, не находите? Я понимаю, если бы у меня была уникальная информация, но ведь все доступно в базах данных.

*>> Я готов представить своё мнение (о гипотезе В.П. Юрковца) в более развернутой форме.*

Нет, увольте, мнение не надо. «Мнение – дешево», в переводе с известной заокеанской поговорки. На сайте В.П. Юрковца есть поучительная полемика по этому же вопросу, и не с любителем, а с профессионалом довольно высокого полета. Тот тоже раз за разом выставляет свое мнение, а в очередном следующем комментарии извиняется, что там-то не подумал, там-то не учел, там-то не обосновал. А В.П. Юрковец с завидной невозмутимостью «прокатывает» того профессионала раз за разом. Мнения не ценятся, ценятся обоснованные положения, продвигающие науку.

Тут наш штатный историк с короткой фамилией как-то тоже делился своим «мнением», что про египетские пирамиды историкам всё давно известно, и уж во всяком случае известны датировки всех древних пирамид. На принципиальный вопрос, заданный ему, не ответил. А я открываю прекрасный и глубокий обзор Фурсова, не отца (Андрея Ильича), а сына, Кирилла Андреевича, историка-востоковеда, старшего научного сотрудника Института стран Азии и Африки МГУ и Института экономики РАН, и там на десятках страниц производится разбор того, что по египетским пирамидам известно и что не известно, так там второго несравненно больше, чем первого. Сплошные загадки – кто, когда, зачем... Ну, и зачем нам такое «мнение» нашего штатного историка, когда оно совершенно безответственное? Понимаете, о чем я?

*И. Рожанский говорит:*

[30.03.2017 в 11:18](#)

*>> у него (у его сотрудников) есть вся информация для того, чтобы извлечь оттуда десятки (а на самом деле сотни и тысячи) снипов и гаплотипы протяженностью в сотни маркеров. И они прекрасно знают, как их извлекать.*

Это так, и свидетельство тому – гаплотипы из сотен маркеров, которые получают клиенты компании YFull по результатам теста BigY на 10

миллионов нуклеотидов в Y-хромосоме. Однако с ископаемой ДНК этот налаженный процесс осложняется тем, что она фрагментарна. Те самые специалисты, кто шелкает BigY, как орешки, пишут, что из материалов секвенирования древней ДНК, т.н. BAM-файлов, очень сложно, а зачастую невозможно извлечь STR, особенно если речь идет о стандартных панелях.

Суть проблемы – метод, с помощью которого проводят сиквенс в ведущих лабораториях. Он носит название “shotgun”, то есть “дробовик” в переводе с английского. До его внедрения в палеогенетике пользовались (а многие пользуются и сейчас) стандартной методикой PCR, в которой снипы и STR находят последовательно с помощью т.н. праймеров – уникальных комбинаций из 20-30 нуклеотидов, обрамляющих искомый сегмент. Если этот сегмент поврежден, то он либо не читается вообще, либо читается с большими искажениями. По этой причине из значительной, если не большей часть образцов древней Y-ДНК не удастся извлечь ни одного снипа или STR. Показательный пример – разрекламированный компанией IGENEA анализ ДНК из волоса Наполеона Бонапарта, по которому якобы установили гаплогруппу императора. В действительности из волоса удалось надежно извлечь значение только для одного маркера, а именно DYS448=20. Весь остальной материал был получен от ныне живущего потомка одного из братьев Наполеона, у которого, по счастливому стечению обстоятельств, этот маркер совпал.

Метод shotgun позволяет избежать таких провалов, и многократно повышает эффективность извлечения информации из сильно поврежденной ДНК. В нем не проводят поиск праймеров на хроматограммах, а делают амплификацию всех уцелевших сегментов, которые затем с помощью специальной компьютерной программы, образно говоря, выкладывают, как пасьянс на подложку из стандартной ДНК. Все это переводят в цифровой вид (тот самый BAM-файл размером в гигабайты), и дальнейшая работа идет с ним. При однократном прочтении каждый сегмент ДНК выглядит как мишень, которую долго расстреливали из дробовика, откуда и название метода. Если материала ДНК достаточно много, то это дает возможность получить, образно говоря, большую стопку таких расстрелянных мишеней, в которой перекроются все дыры, и можно будет получить связную картину. С ископаемой ДНК, за редкими исключениями, приходится иметь дело с сильно “изрешеченными” образцами, в которых весьма редко можно найти неповрежденную последовательность в несколько десятков нуклеотидов, которая вмещала бы в себя целый маркер. Со снипами проще, потому что их можно обнаружить, в принципе, даже в очень коротком обрывке. Это, по-видимому, основная причина, почему специалисты в работе с генетическим материалом сосредотачивают свое внимание на снипах, а не STR.

В древних гаплогруппах эквивалентные снипы исчисляются десятками и сотнями, что повышает шанс обнаружить их даже в сильно поврежденных образцах. Чем моложе ветвь, тем меньше в ней эквивалентных снипов и тем больше вероятность, что они попадут на “дыру”, приводя в итоге к “недотипированию”, что мы и наблюдаем в обсуждаемых работах. Расшифровку снипов осложняет также то, что далеко не всегда они дают однозначное отнесение к той или иной линии. Часть из них может указывать на принадлежность к ней, часть – быть в минусе. Вывод о конкретном отнесении таких неоднозначных образцов зависит, как правило, от опыта и личных предпочтений исследователя. У разных специалистов они могут не совпадать, а популяризаторы в таких случаях предпочитают ограничиться только 100-процентными вариантами. Если их нет (по их мнению), то образец записывается как нечитаемый.

С аутосомными снипами все проще. Их сотни тысяч во всех хромосомах, и даже при многократном отсеивании остается достаточное количество, чтобы закладывать в компьютерные модели. Ручной работы, как с реконструкцией детальной филогении и гаплотипов, там почти нет. Все предельно автоматизировано, и в этом, подозреваю, главная причина нежелания популяризаторов заниматься ископаемой Y-хромосомой на несравненно более высоком уровне, чем это позволяла прежняя техника. Нашли свою жилу, и копают только там, не разбирая, где руда, а где пустая порода.

*И. Рожанский* говорит:

[30.03.2017 в 04:49](#)

>> *В.П. Юрковец* с завидной невозмутимостью «прокатывает» того профессионала раз за разом...

Выскажу свое личное мнение по поводу невозмутимости, пусть это и не приветствуется. Читать материалы Валерия Павловича, как правило, интересно и познавательно, но вступать с автором в полемику никому не советую, чтобы не попасться на логическую уловку, известную еще со времен античности, и которой Валерий Павлович виртуозно владеет. В классической форме она звучит так: “Курица смертна. Сократ смертен. Следовательно, Сократ – это курица”. Строго говоря, такие выверты в завуалированной форме сплошь и рядом можно найти в рассуждениях даже маститых ученых. Главное – не ловиться на них, а смотреть “сухой остаток” в аргументации, чтобы не втягиваться в спор ради спора.

*В.Юрковец* говорит:

[30.03.2017 в 17:47](#)

Благодарю Вас, уважаемый Игорь Львович, за столь высокую оценку моих способностей, однако, Вашим куриным приёмом, смею заверить, я никогда не пользовался. Если найдёте хотя бы один пример – принесу извинения. Предпочитаю самую примитивную методологию – язык фактов. И именно потому, что в ней не требуется никакой виртуозности. Со своей стороны должен Вам заметить (никогда не делал этого ранее, но Вы сейчас вынудили), что припёртый фактами к стенке, Вы обычно прекращаете дискуссию в одностороннем порядке (“тихо линяете”), вместо того, чтобы честно признать, что были неправы. [Пример на Переформате](#). Если разрешат хозяева, примеры могу умножить, начиная с Родства.ру, поскольку все разговоры с Вами я “складирую” по причине того, что все разговоры с Вами – настоящим профессионалом – чрезвычайно содержательны и зачастую приводят к новым открытиям, как в приведённом выше примере. Наши шероховатости не мешают мне относиться к Вам с глубокой дружеской симпатией. Я, например, никогда не забуду, как мы “сделали” наших польских коллег после их наезда на Вас с уважаемым Анатолием Алексеевичем, вызванным публикацией об “архаичной” ветви гаплогруппы А. Они тогда обвинили вас в вопиющем нарушении политкорректности за это определение – “архаичной”. Восклищали: “Клёсов и Рожанский смеют говорить о том, что в составе современного человечества присутствуют, цитирую, “примитивные ветви”. Мы тогда парировали: “Как вы смеее называть примитивными наших братьев в гаплом мире?!”. Поляки тогда перепугались своей оплошности настолько, что сами грохнули свой сайт и уже потом не возродились – так боялись возмущения “прогрессивного человечества”. Помните, как Вы тогда гордились нашей общей победой? Если забыли, тоже могу напомнить – у меня “всё записано”.

*Anton* говорит:

[30.03.2017 в 20:39](#)

*>> Более того, у него (у его сотрудников) есть вся информация для того, чтобы извлечь оттуда десятки (а на самом деле сотни и тысячи) снипов и гаплотипы протяженностью в сотни маркеров. И они прекрасно знают, как их извлекать. Но им это не нужно, вот в чем проблема. Им не нужно, потому что поплывут их выводы, а это тем более не нужно.*

Spoštovani Anatolij Aleksejevič, to, kar ste napisali, je skoraj vse res. Popgenetiki ne bodo delali sami sebi v škodo. Moja misel je bila, ne da bi Vi dali Willerslevu podatke, temveč da bi on Vam dal celotne sekvence, ker Vi imate tako interes kot znanje, kako iz teh podatkov pridobiti koristne podatke. Lepo pozdravljeni!

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[31.03.2017 в 02:04](#)

Уважаемый профессор Пердих, Вы как член Академии ДНК-генеалогии мыслите масштабно. Вы предлагаете, чтобы я запросил у датского генетика, Эске Веллерслева, полную последовательность Y-хромосомы, и сам вытянул оттуда гаплогруппы-субклады и гаплотипы. Но Вы переоцениваете и меня, и мой компьютер. В Y-хромосоме 58 миллионов нуклеотидов, при такой работе специалисты оперируют файлами размерами в гигабайты, а то и в терабайты. Мой компьютер это не потянет. Но даже если бы я обзавелся специальным компьютером, то не хватило бы моих знаний. Понадобилось бы специально учиться. Но лучше пусть они делают свою работу, а я буду делать свою. Именно в этом было предложение объединить наши усилия. Но пока не получилось. Может, получится в будущем, и, возможно, не с ними, а с другими специалистами.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[30.03.2017 в 20:46](#)

*>> Те самые специалисты, кто щелкает BigY, как орешки, пишут, что из материалов секвенирования древней ДНК, т.н. BAM-файлов, очень сложно, а зачастую невозможно извлечь STR, особенно если речь идет о стандартных панелях.*

Уважаемый Игорь Львович, комментарий Ваш информативен, но он местами напоминает поговорку о том, что одни ищут причины, а другие ищут возможности. Вы написали о причинах, то есть о трудностях, но ни разу не упомянули, что гаплотипы, то есть STR, в ряде случаев были успешно определены. Если бы Вы подобные примеры упомянули, то комментарий читался бы не только информативнее, но и акценты были бы смещены – от пассивного к активному. Так вот, гаплотипы не определяют, потому что, как правило, не хотят определять. Да, конечно, бывают трудности, но где их не бывает? Бывает, что костные останки «пустые», ДНК давно разложилась. Но мы же не говорим, что работать с ископаемыми ДНК нельзя? Есть проблемы объективные, а есть субъективные, типа «да нам это не нужно».

Напомню, что первая же ископаемая ДНК, из захоронения с датировкой 4600 лет назад (Eulau, Германия) дала гаплотипы, и не один, а для целой семьи. Видимо, авторы работы не прочитали Ваш комментарий, иначе и делать им расхотелось бы. Вот в чем проблема, когда перечисляют трудности, но не упоминают о том, когда трудности были бы решены. Именно преодоление трудностей дает стимул для продвижения вперед.

Примеры определения гаплотипов из ископаемых ДНК можно приводить, и я напомню, что в нашей недавней работе по ДНК

ископаемых хазар протестировали два захоронения, и в обоих были определены 20-маркерные гаплотипы, без пропусков. Авторы тоже, наверное, не знали, что это трудно, если не невозможно. Но спасло их, видимо, то, что никакого shotgun они не применяли, и «пробоины» друг на друга не накладывали, а делали по старинке, по хроматограммам и с праймерами. И все получилось. Правда, в третьем захоронении выделение ДНК не получилось, и они отнесли к этому к нормальным понимание научных сотрудников.

*>> Читать материалы Валерия Павловича, как правило, интересно и познавательно, но вступать с автором в полемику никому не советую...*

Совет, прямо скажу, неважный. Вряд ли стоит (кажущиеся) личные неудовольствия в прошлом выставлять на публику, да еще в персональном виде, да еще в виде обобщений. Я же ведь чуть выше описал мои наблюдения от недавней полемики профессионала с Валерием Павловичем – «Тот тоже раз за разом выставляет свое мнение, а в очередном следующем комментарии извиняется, что там-то не подумал, там-то не учел, там-то не обосновал». Как видите, там нет «вывертов в завуалированной форме», там есть иллюстрации того, что оппонент плохо подготовился к дискуссии, и он сам пишет, что и этого не знал, и того не знал. Та дискуссия еще, возможно, не закончена, но уже ясно, что обе стороны узнали для себя немало нового. И в этом – смысл хороших, конструктивных дискуссий.

*И. Рожанский говорит:*

[01.04.2017 в 19:43](#)

*>> он местами напоминает поговорку о том, что одни ищут причины, а другие ищут возможности.*

В данном случае я исходил из общения с одним из тех, кто профессионально занимается расшифровкой БАМ файлов по Y-хромосоме, и речь шла о конкретном гаплотипе, сильно “немотивированном” из-за низкого покрытия. Таких довольно много, но метод shotgun позволяет использовать их материал для геномного анализа, что ранее было невозможно. Многие образцы, впрочем, имеют достаточно хорошее качество, чтобы быть прочитанными, даже если в оригинальных публикациях они оставлены без отнесения, но данные их сиквенса выложены в открытых базах данных. Особенно активен в такой работе исследователь из Германии (или Швейцарии?), публикующийся под ником Genetiker.

Однако ни Genetiker, ни его коллеги не занимаются реконструкцией гаплотипов, хотя при их квалификации это не составило бы большого труда. Это не входит в круг их интересов, потому что после

внедрения теста BigY стало распространенным мнение, что STR вообще не нужны, если есть исчерпывавшие данные по снипам. Они явно горячатся, но факт остается фактом.

Про стиль ведения дискуссии скажу, что я выхожу из нее, если вижу, что она начинает идти по кругу, а оппонентом движет желает не столько выяснить, где же истина, сколько “срезать”, как в одноименном рассказе В. Шукшина. Я не располагаю таким большим запасом времени, чтобы тратить его на подобные занятия.

*Юрий ВК* говорит:

[31.03.2017 в 16:54](#)

*>> Избирательность действительно имела место. Космогенное мегацунами уничтожило только гигантов мегафауны.*

Избирательность мегацунами может доказывать только одно – никакого мегацунами не было. Ни один научный журнал, ни один настоящий ученый не воспримет всерьез эту фейковую гипотезу. И про Ладожскую астроблему тоже. Не понимаю, как Анатолий Алексеевич может верить этим гипотезам? Ну это как если бы мутации ДНК происходили избирательно только у человека, а у животных – нет. Не может мегацунами смыть только людей, а животных не тронуть, один пролив размыть – а остальные нет, некоторые острова передвинуть, а другие не трогать, в некоторых скалах насверлить пещер – а других и не коснуться. Никакой сплошной засоленности Антарктиды тоже не было.

*В.Юрковец* говорит:

[31.03.2017 в 22:43](#)

Юрий ВК написал в высшей степени содержательное сообщение. Мне теперь для того, чтобы ему обоснованно ответить, нужно повторить все соображения о двух новых ковчегах человечества, изложенные в статье о гидродинамическом карсте, послать мои статьи во все научные журналы и дожидаться ответа, а также опросить всех настоящих учёных. И по Ладожской импактно-вулканической структуре тоже. Впрочем, по Ладожской ИВС у меня есть надежда на признание со стороны Юрия ВК моих выводов. Они опубликованы в журналах “Труды Всероссийского ежегодного семинара по экспериментальной минералогии, петрологии и геохимии” (ВЕСЭМПГ-2014, 2015, 2016), “Experiment in Geosciences” 2014, 2016, “Bulletin of Novosibirsk Computing Center. Series: Mathematical Modeling in Geophysics”, 18 (2015), в том числе на английском и в соавторстве с настоящим учёным (можно считать таковым кандидата



наук?). Всё выкладывать здесь не буду, дам только две ссылки. “Труды...” – [ссылка](#) (стр. 122). И “Experiment in Geosciences” (оглавление) – [ссылка](#) (третий автор сверху). В отношении космомегацунами [Юрий ВК отчасти прав](#). Однако пока не все учёные опрошены, так что у меня ещё есть надежда.

*Виктория В.С.* говорит:

[01.04.2017 в 13:38](#)

Уважаемый Юрий ВК, не только у Вас, но у других тоже, прослеживается контекст, что вроде бы речь идет о том, что после мегацунами произойдет мгновенная однократная гибель. Такое тоже было – те, кто попал в зоны турбулентности погибли сразу. Но катастрофы планетарного масштаба имеют долговременное опять же планетарное влияние, на климат, к примеру. И всё, что от него зависит. Оставшиеся оказались в среде, которая требовала иных навыков жизнеобеспечения. Кто сбежал в правильном (!) направлении или кто удачно приспособился – те и продолжились в потомках. Но в любом случае сначала был длительный процесс деградации популяций. В этом смысле замечание Валерия Павловича имеет смысл – у “гигантов” меньше шансов выжить в такой период. В таком же точно смысле можно понимать ранее высказанное замечание Игоря Львовича про способность кошек к выживанию. Они в самом деле более способны к выживанию, чем человек того периода. Они намного раньше по времени начинают воспроизводиться и сразу в большем количестве. Их популяции на момент катастрофы могли просто многократно превышать популяции древних людей.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[02.04.2017 в 15:40](#)

Уважаемая Виктория Викторовна, благодарю за чрезвычайно толковый комментарий. Да, скорее всего так и было, и «бутылочные горлышки» популяции не проходят одномоментно. На планете есть немало «убежищ», включая, например, глубокие пещеры. Не так давно было опубликовано исследование пещеры, которая имела в глубину (не вертикально вниз, а относительно горизонтально поверхности) почти 400 метров, и в ней была древняя стоянка людей, десятки тысяч лет назад. Далее, по данным В.П. Юрковца ударная волна мегацунами затухла на подходе к Европе, и европейские горы были, видимо, не затронуты, или затронуты минимально. В общем, есть немало функциональных исключений при самых разных катастрофах, и подходить к ним с мерками – «да или нет?» – это один из вариантов ОРО, оспаривания ради оспаривания. Ваш

комментарий показывает, что Ваша «операционная система» мышления обладает перед такими неоспоримым преимуществом. Она – не формальная, а творческая. Большое дело, редкий дар даже для ученого.

[Анатолий А. Клёсов](#) говорит:

[02.04.2017 в 15:40](#)

*>> Те самые специалисты, кто щелкает BigY, как орешки, пишут, что из материалов секвенирования древней ДНК, т.н. БАМ-файлов, очень сложно, а зачастую невозможно извлечь STR, особенно если речь идет о стандартных панелях.*

*>> Уважаемый Игорь Львович, комментарий Ваш информативен, но он местами напоминает поговорку о том, что одни ищут причины, а другие ищут возможности. Вы написали о причинах, то есть о трудностях, но ни разу не упомянули, что гаплотипы, то есть STR, в ряде случаев были успешно определены... Есть проблемы объективные, а есть субъективные, типа «да нам это не нужно».*

*>> ...ни Genetiker, ни его коллеги не занимаются реконструкцией гаплотипов, хотя при их квалификации это не составило бы большого труда. Это не входит в круг их интересов...*

Ну вот мы и пришли к единому мнению. Никакого «срезания» не было, и такой ответ вызывает недоумение. Речь с моей стороны была о том, что поггенетики не хотят определять гаплотипы (STRs) по геномным данным, что лишает их богатого и ценного материала, и обычно не только обесценивает их интерпретации, но и делает их неверными. Вы поделились информативным комментарием, в итоге сообщив, что извлечение гаплотипов из ископаемых ДНК «очень сложно, а зачастую невозможно». Я, напротив, дал позитивные примеры именно по ископаемым ДНК (про ДНК современников вопросов вообще нет, это накатанный вариант), и Вы согласились, что да, большого труда не составляет, но не входит в круг их интересов. О чем и шла речь с самого начала.

Если среди читателей есть квалифицированные генетики, то хотелось бы обратить их внимание на то, что вопрос извлечения гаплотипов и субкладов из геномных данных в открытых базах остается актуальным, особенно в случае ископаемых гаплотипов. За рубежом специалисты такого уровня есть, тот же Genetiker, который пользуется в сети большой популярностью, но его деятельность односторонняя, как следует из комментария И.Л. Рожанского, гаплотипами он пренебрегает. В России эта ниша совершенно незаполнена, и ждет своих специалистов. Полагаю, даже при

минимальных (начальных) успехах в данном направлении ожидается получение на это финансирования.

# Пушкин, Ратша и их предки

Б.И. Попов

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

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

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

В любом случае возникает вполне естественный вопрос: к какому же роду-племени относились Пушкины? Понятно, что они не были африканцами. Но может они были потомками татар или монголов, как

утверждают сегодня некоторые наши соседи, пытающиеся сочинять новые басни о происхождении большинства россиян? Попробуем спокойно разобраться.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ещё более древними предками Пушкиных были:

Гаврило Алексич (ок.1300)

Алекса Якунович (ок.1275)

Якун (ок.1250)

Ратша (ок.1225).

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

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

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

Вот какой документ оставил нам в 1799 году гвардии отставной поручик Василий Львович Пушкин: *«Московской губернии в собрание господ*

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

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

К приведенному ходатайству Василием Львовичем Пушкиным была приложена справка, выданная ему в 1799 году из Московского архива Государственной коллегии иностранных дел, в пункте третьем справки архив отвечал: «... Хотя по делам сего архива герба, в фамилии Пушкиных употребляемого, и не значится, но поелику род их показан в поколенной росписи, просителем предъявленной, **происшедшим от Радиши, выехавшего из Немец в княжение благоверного князя Александра Невского**, то во всемилоштивейшем пожалованном 1760-го года, февраля в 17-й день, генерал-фельдмаршалу и разных орденов кавалеру Александру Борисовичу Бутурлину дипломе на графское Российской империи достоинство, между прочим, значится в описании родового герба следующее: «В верхней левой части находится в горностаевом поле алая бархатная княжеская шапка с горностаевою опушкою под золотую дугу, украшенную малою золотую державою с крестом, в память, что из отечества своего Славенской земли вышедшие в Россию предки фамилии Бутурлиных ещё победоносным знаменем великого князя святого Александра Невского против неверных воевали; в нижней же правой части оказывается в голубом поле рука золотая в латах, держащая концем вверх обращенный меч; сей щит с самых древних времен находится и в щитах королевства Венгерского, яко герб покоренного ему королевства Славонии, а фамилия Бутурлиных из давних же времен имела оный, того ради сия часть щита и **доказывает из Славонии происшествие**; наконец в среднем, или внутреннем, золотом щите представляется голубой орел с распростертыми до половины крылами и с малою золотую короною на главе, держащий с правой стороны в когтях меч, а с левой золотую державу, что как славенские и российские летописи свидетельствуют, изрекле был обыкновенный герб фамилии». Сия выпись о фамилии Пушкиных учинена Государственной коллегией иностранных дел в Московском архиве на основании именного его императорского величества указа, июля в 27-й день минувшего 1797-го года состоявшегося, по которому архивы обязаны способствовать дворянам в отыскании доказательств дворянского достоинства, и дана вышеупомянутому просителю лейб гвардии Измайловского полка порутчику Василию Львову сыну Пушкину. 21-го июля 1799-го года. № 114. Подлинная подписана Мартыном Соколовским, Николаем Бантыш-Каменским, Иваном Стриттером и Алексеем Малиновским».

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



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

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

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

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

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

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

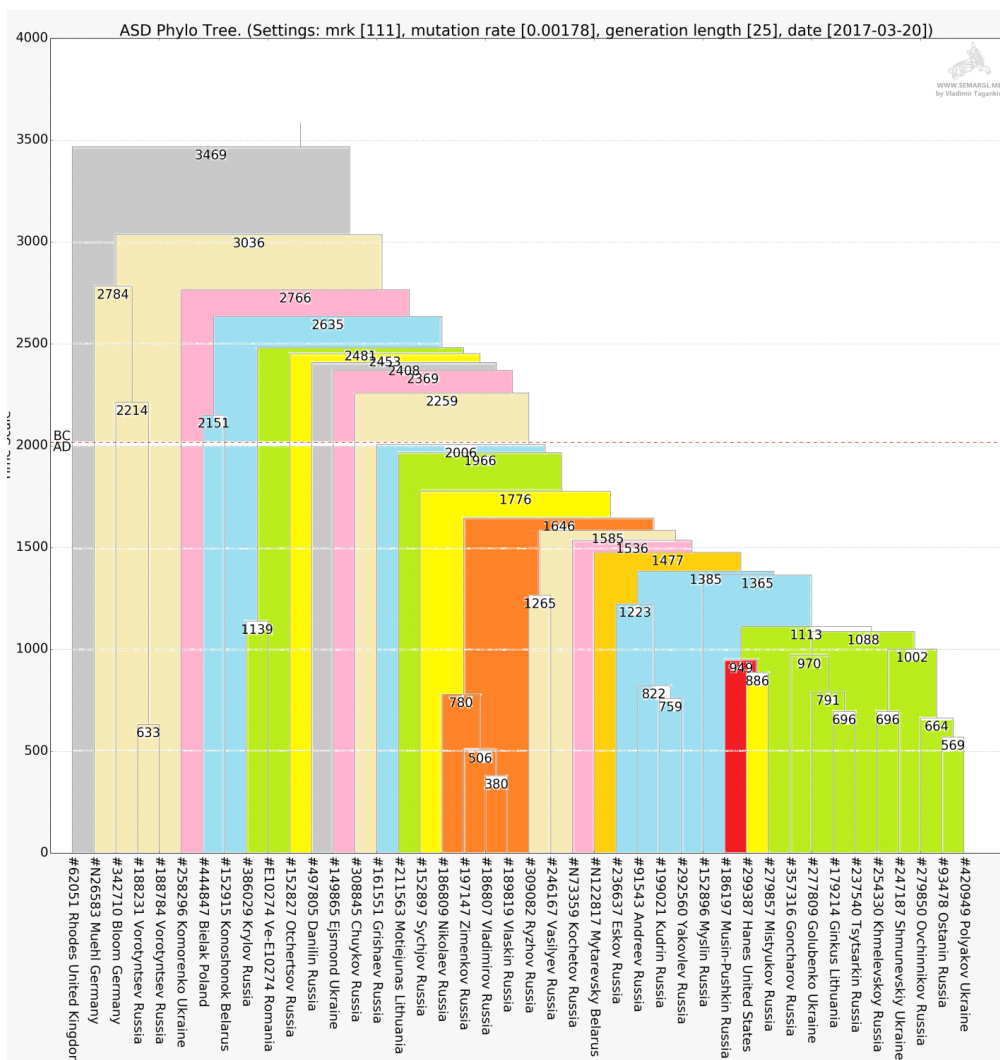
Если же Радша выехал действительно в 1198 году, но тогда он мог выехать не из Семиградия, а из Немец. В любом случае получается, что

какая-то часть предания Мусиных-Пушкиных о происхождении Радши не соответствует действительности.

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

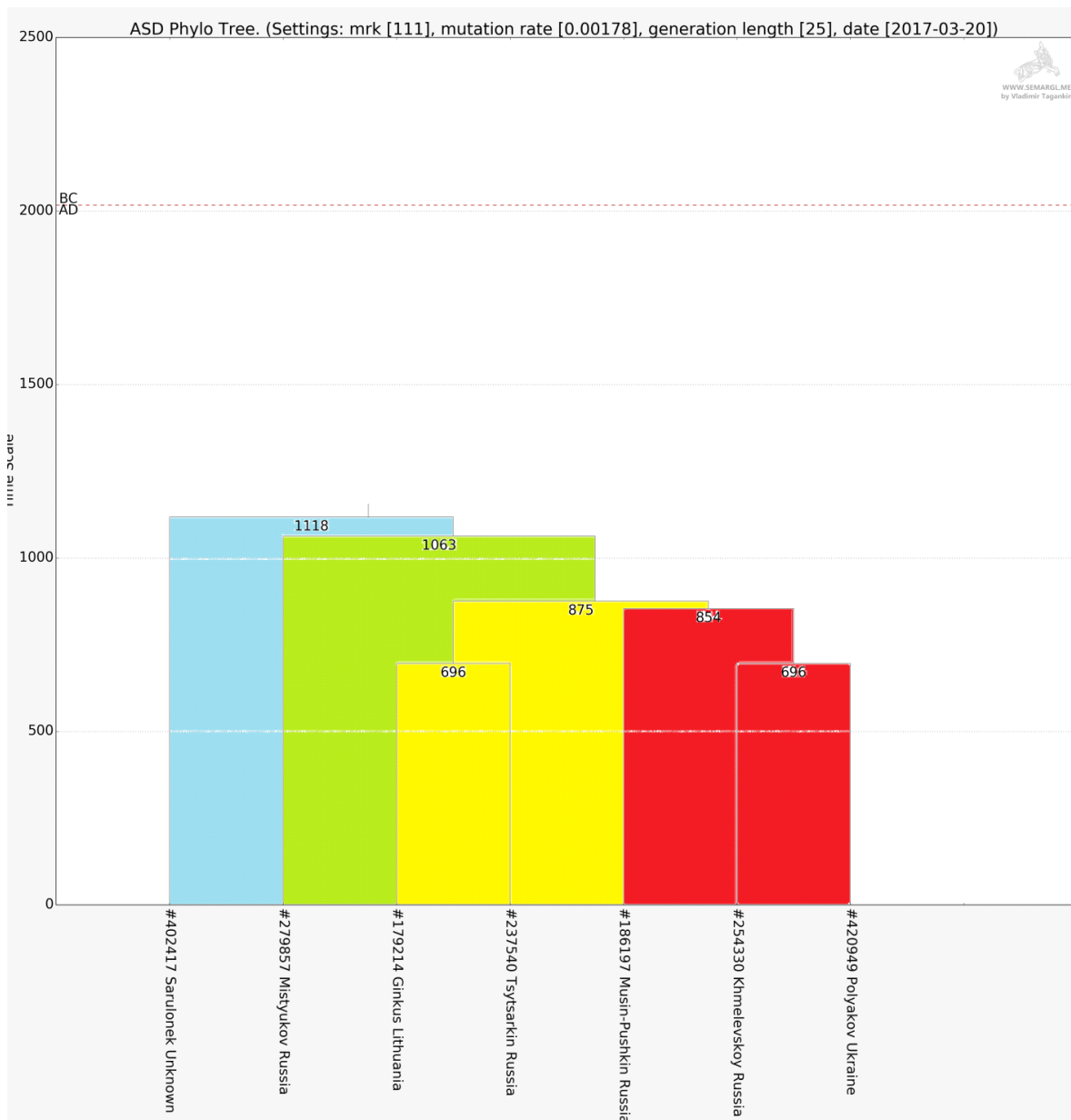
Точный ответ на поставленный вопрос сегодня может нам дать такая новая и точная наука, как ДНК-генеалогия или молекулярная история. Дело в том, что в настоящее время изучена мужская Y-хромосома одного нынешнего представителя семьи Мусиных-Пушкиных. В базах данных эта хромосома обозначается как kit 186197.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

Мужская Y-хромосома передаётся только от отца к сыну, поэтому Радша мог иметь практически такую же самую хромосому, как и ныне живущий представитель семьи Мусиных-Пушкиных. Изменения хромосом могут быть лишь очень незначительными вследствие единичных мутаций. Причём происходят такие мутации в среднем один раз за несколько столетий. Исходя из скорости происхождения мутаций, специалисты подсчитали, когда примерно могла образоваться Венедская семья. По данным компании Yfull это могло произойти примерно 3300 лет тому назад. Ныне во всех базах данных можно найти около 200 представителей Венедской семьи. Если с помощью сайта [www.semargle.com](http://www.semargle.com) составить 111-маркерное генеалогическое древо, включающее в себя не 200, а даже 42 отобранных представителей этой семьи, то получится, что общий предок всей семьи мог родиться даже ещё раньше – примерно 3469 лет тому назад или в 1522 году до н.э.



Красным цветом отмечена ветвь Мусиных-Пушкиных.

Скорее всего, древо составленное из всех 200 представителей Венедской семьи может дать даже более древнюю дату. Где же могли жить предки Мусина-Пушкина во времена Ратши? Чтобы найти ответ на этот вопрос, можно с помощью сайта [www.semargle.com](http://www.semargle.com) составить ещё одно 111-маркерное генеалогическое древо, которое включает в себя только самых ближайших сородичей Мусиных-Пушкиных.



К сожалению, таковых самых близких сородичей пока получается только 7 человек. Согласно этому древу, самыми ближайшими сородичами Мусиных-Пушкиных являются нынешние жители России по фамилии Хмелевской и Цыцаркин, житель Украины с русской фамилией Поляков и житель Литвы по фамилии Гинкус. Их общий предок мог родиться примерно 875 лет назад или в  $1950 - 875 = 1075$  году.

Если составить 67-маркерное генеалогическое древо, которое включает в себя уже 48 самых ближайших сородичей Мусиных-Пушкиных, то получается следующая картина.



примерно 860 лет назад или в  $1950-860=1090$  году мог родиться общий предок не только выше перечисленных лиц, но также украинца польского происхождения Шмуневского, россиян Хмелевского и Гончарова, жителя Украины с русской фамилией Поляков.

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

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

Во времена Рюрика, если верить разным источникам, здесь располагалась Страна Вендов. Так эта страна называлась, например, в Северных сагах. Германские Ксантенские анналы тоже сохранили нам строки о существовании в 845 году королевства вендов. Причём королём вендов они называли некого Рорика. Рядом с вендами жили и варяги-русь. Согласно русским летописям, вождём местных варягов-русь был князь Рюрик, который в 862 году стал княжить в Ладоге и в Новгороде. Поэтому можно прийти к выводу о том, что Рорик, король вендов, и Рюрик, вождь тамошних варягов-русь, – это, скорее всего, один и тот же человек. Предки Ратши, проживавшие здесь же, могли быть его подданными.

Надо заметить, что среди представителей Венедской семьи есть, например, и князья Белосельские-Белозерские (kit 188621). До сих пор сами себя они относили к потомкам Рюрика по отцовской линии. Однако изучение их мужской Y-хромосомы показало, что это не так. Они могли быть потомками Рюрика в лучшем случае только по материнской

линии. Сам факт существования этих князей может показывать, что предки Рюрика и предки Ратши могли жить рядом друг с другом на территории Страны Вендов.

Если с помощью электронного калькулятора Килина-Клёсова, подсчитать, когда мог родиться общий предок князей Белосельских-Белозерских и Мусиных-Пушкиных, то, если сравнивать их 37-маркерные гаплотипы, мы получим примерно 1650 лет тому назад или  $1950-1650=300$  год. Этот результат ещё раз показывает, что предки Рюрика, потомка Пруса, и предки Ратши могли даже в те годы жить рядом друг с другом, причём, скорее всего, на южных берегах Балтийского моря, то есть на территории нынешней Северной Польши.

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

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

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

Это утверждение древнего историка показывает, что племена венеда (или венетов), славян и антов, хотя и разные, но происходили из одного

общего корня. Просто они имели разный исторический путь. При этом впоследствии многие варяги-русь покинули Страну Вендов вместе с Рюриком, а венды остались на месте. Во времена Ратши и Александра Невского на юге Балтики шла многолетняя кровопролитная война местных племён с поляками и рыцарями Тевтонского ордена. Скорее всего, именно эта война и вынудила Ратшу навсегда покинуть Страну Вендов и последовать по пути варягов-русь в Новгород. Ведь венды с варягами-русь были связаны очень давними родственными узами. Поэтому искать своего спасения венды могли именно у русов.

Такой же путь и по той же причине проделал вместе с Ратшей и его современник Иван Кобыла (Гланде Камбила), сын Дивона и потомок Видевута, короля Пруссии, избранного на престол ещё в 521 году. Потомки Видевута правили в Пруссии более семи веков, но в результате нескольких военных поражений были вынуждены уступить свою власть рыцарям Тевтонского Ордена. После всего сказанного очень хочется, чтоб отныне наши журналисты больше рассказывали нам именно об этой, отцовской родословной линии А.С. Пушкина. Ведь её история очень увлекательна и имеет ещё много нераскрытых тайн, ведущих нас к истокам нашей Руси.



# Прямая Линия

А.А. Клёсов

## Часть 4

Как и в предыдущих трех 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](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.

**Сергей Кудашоа 23 июл 2017 в 15:21**

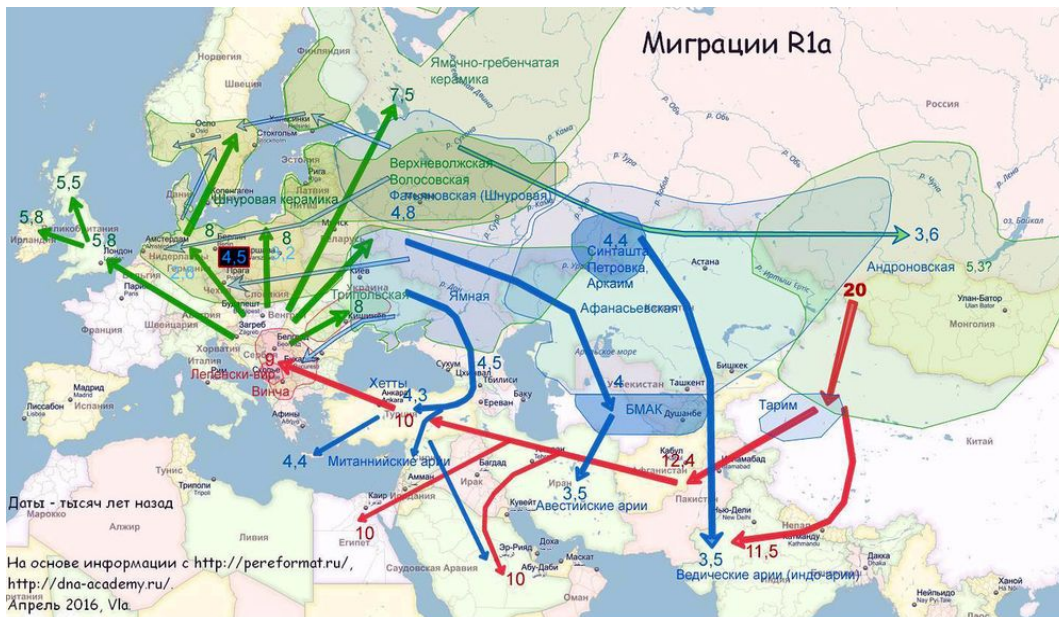
Вопрос по археологии: есть ли известные Вам реальные (достоверно подтвержденные) исторические примеры миграций культур без массовой миграции людей? Этот вопрос я уже задавал, но видимо его надо раскрыть. Как по Клейну: культура не натура.

Общался с археологом с Педагогического университета в Барнауле, он сказал, что миграции по материальным объектам отследить нельзя, в какой-то момент все запутывается. Кроме того, есть культурные заимствования, особенно когда есть техническое превосходство. Опять же "горшки не люди".

Так методами археологии можно отследить миграции или нет? Или можно, но с трудом, в какой степени? Понятно, что по шлейфу субкладов можно отследить миграцию (по возрастам), но тут уже ДНК-генеалогия. Исходя из всего этого вот и возникает вопрос: если достоверно известные примеры миграции культур без массовой миграции людей?

Я вот даже на примере хорошо известной Римской империи не стал бы так утверждать. Кстати, вопрос также касается лингвистики, распространения языков. Понятно, что люди идут не молча, но правильно ли будет утверждать, что языки всегда распространяются теми же путями, что и люди?

И, если можно, в указанном контексте, вопрос четвертый, как же всё таки отслеживаются миграции людей методами ДНК-генеалогии? Например, вот любительская карта миграций (см. ниже), она была разработана читателем сайта Переформат на основе информации с указанного сайта и Ваших книг. Карта была, во Вашему же признанию, лучшей, на тот момент развития науки (2016), в настоящее время появился ряд новых данных по палео-ДНК, поэтому карту можно дополнять - это нормально, наука на месте не стоит.



Вот, например, как и на основе каких данных был сделан вывод, что 12,4 тысяч лет назад R1a пришли в Индию из Таримского бассейна (красные линии)?

**Nik Danev 24 июл 2017 в 7:57**

Я хочу знать какие мы болгары. Я не слышал кто такие траки - фраки? Европу в древности называли территорию от нижнего течения Дуная до Тракийского/Эгейского моря, т.е сердце Тракия/Мизия/Ария. Нет никаких индо-ариев или славяно-ариев. Термин "славяни" появится тысячелетиями после термина "арии", поэтому совершенно некорректно писать "славяно-арии". Есть Тракийцы = арийцы = болгары = европейцы, которые и создали индийскую и европейскую культуру. Этому уже есть громадное количество подтверждений и в камне и в исторических источниках. В Болгарии есть не менее 50 000 курганов Аристократов. Такая плотность нет нигде в Мире. Ария Варта называется государство ариев в Индии. В Средней Азии Плиний размещает этносы туни, кикони, брисари... а в Тракии есть тюни,

кикони, брисеи. Андроновская культура арийская и имеет более ранний прототип в Болгарии.

**Дарья Петрова 24 июл 2017 в 10:29**

Здравствуйтесь Анатолий Алексеевич. Сейчас в соц.сетях ходит ролик, где учёные по ДНК определяют откуда твои предки. В каком процентном соотношении от каждой национальности. На самом деле возможно по слюне сделать такой тест? И узнать все свои корни. Простите, как-то не очень верится. Или всё же правда? Делают ли такой тест в России. Спасибо.

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 12:58**

Очень хорошая идея с Прямой Линией, поддерживаю.

Современные исследования ДНК - генеалогии действительно определяют направление древних миграций верно и точно, однако интерпретация их недостаточно верна. Выводы основаны прежде всего на тех же научных фундаментах, которые в свете новейших открытий уже не актуальны. Прежде всего необходимо пересмотреть периодизацию и хронологию археологических культур севера Евразии (к сожалению, многие памятники датируются в рамках хронологии не совсем верно, что создаёт путаницу). Второе, необходимо пересмотреть реконструкцию языков ИЕ группы. Ошибочное мнение, что распад ПИЕ произошёл в эпоху энеолита, уж более верно предположение об этнообразовании внутри ИЕ новых кластеров и групп, образовавших современные народы, судя по всему процесс образования их совпадает с эпохой ранней бронзы. Третье, необходимо разработать концепцию об едином культурно-историческом пространстве в "арийском мире" и под эту концепцию уже приложить результаты по ДНК-тестированию, а также составить базу данных по палеогенетике. Если мы сторонники ДНК-генеалогии сделаем это, то изменится вся концепция исторического развития древнего мира. Хотелось бы в первую очередь обратиться к профессиональным историкам, археологам и лингвистам в помощь, если есть такие среди участников группы, прошу откликнуться.

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 13:16**

Сергей, Возможно, что так и было, но вся сложность в том, что выборки по ДНК - генеалогии более ранних периодов очень редки из-за плохой сохранности материалов, или же имеет место быть унификация по периодизации и хронологии археологических памятников, а если быть точнее, фальсификации с датировками. Кстати, не совсем прав был ваш

знакомый археолог, как раз можно отследить миграции по материальным объектам с эпохи энеолита, по крайней мере, даже с эпохи мезолита, только тут опять-таки работает закон "европейских концепций" - раз написали, что так было, значит было, и все под это "было" и затачивается. Например миграционные волны ранней и средней бронзы хорошо сочетаются как с архелогическими культурами, так и ДНК-тестами. Проблема возникает лишь с упорядочиванием гаплотипов в рамках той же хронологии, а так же исходящих от них сипов, поэтому очень трудно понять, как происходили миграционные процессы вплоть до эпохи развитого железа, а это уже 9-11 вв н э.

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 13:44**

Nik, А вообще, что " корректно писать"? Индоарии и индоиранцы тоже вроде бы не комильфо?! Нет четкого определения, кто такие индоарии и индоиранцы, скорее всего это этнокластеры, образовавшиеся из субстратных компонентов, как близкородственных, так и пришлых групп. Например, индоиранцы, в археологии были отмечены миграции средиземноморцев в Северное Причерноморье, Каспий и Среднюю Азию в конце 3 тыс до н.э. Четких границ ареала распространения их уточнить очень сложно. Судя по всему, они и вытеснили индоариев дальше на восток и юг, в Индию, а оставшееся население образовало с пришельцами новый этнокластер, который можно условно назвать "славяно- арийским".

А вот насчёт андрона ошибка вышла, следов присутствия андроновцев там нет, даже поздних, скорее всего там отметились их кузены, представитили культур воронковидной и валиковой культур, позднее в эпоху раннего железа их потомки сарматы действительно "отметились " на Балканах и Прикарпатье, но это уже другая история.

Насчет славян вы действительно правы, славяне, скорее всего как субэтнос образовался на базе культур поздней бронзы юго-восточной части Европы, Прикарпатье, Нижнее и Среднее Поднепровье, но вот какая проблема при этом возникает применительно к этнообразованию, этнокластеры образуются на базе культурно- исторических общностей, а в археологии эпохи раннего железа таких нет. Культуры эпохи поздней бронзы и раннего железа не идут ни в какое сравнение с культурами ранней и развитой бронзы, так что все истоки зарождения этнокластеров нужно искать в тот период.

**Илья Рыльчиков 24 июл 2017 в 13:55**

Здравствуйте уважаемый Анатолий Алексеевич! У меня есть маленькая слабость, пытаться общаться на тему ДНК-генеалогии со скептически настроенными людьми. Пытаться взывать к аргументам и к логике в общении со скептиками. И у меня есть вопрос, который действительно меня очень волнует, если речь заходит об общении со скептиками. Как я понимаю, что чтобы спорить с вами с вашими утверждениями, нужно в первую очередь спорить со вашими скоростями мутаций и константами и с тем, что Y-хромосома является маркером, лакмусовой бумажкой в рассмотрении хронологических и исторических процессов и событий. То есть спор с правомерностью использования скажем термина Эрбин, это очень частный спор и он по сути не затрагивает основ ДНК-Генеалогии. А вот споры, возражения, дискуссии по скоростям мутаций и по правомерности использования теста Y-хромосомы в качестве исторического и хронологического маркера - это уже фундаментальный спор. Мне очень интересно, кто-нибудь и когда-нибудь опираясь на научные данные, на расчёты пытался с вами спорить именно по этим вопросам. Кто либо приводил хоть какие-нибудь интересные, скажем так, умные и достойные доводы. С уважением, Рыльщикова Илья

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 14:17**

Илья, фундаментальный спор?! Это похоже на разговор слепых с глухими, скорее всего. Ну да ничего, скоро все тайное станет явным и спорить не придётся. А спорить нужно, ибо в спорах рождается истина.

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 18:07**

Уважаемый Илья, к большому сожалению, никто и никогда со мной не пытался дискутировать, "опираясь на научные данные, на расчеты". Никто, увы, не приводил "хоть какие-нибудь интересные, умные и достойные доводы". Это, так сказать, медицинский факт. На этой неделе на Переформате выйдет очередная статья из этой серии, и опять, человек фактически безграмотный в этой области (и он это сам признает), пытается "критиковать" некое чучело, которое сам же и смастерил. Он думает, что его уродливое чучело - и есть ДНК-генеалогия, оперирует словами "национальность", "культура", "народ", не понимая, что ДНК-генеалогия этими понятиями не оперирует, она оперирует родами. Так что "пытаться взывать к аргументам и логике" обычно не работает. Хотя иногда случается. Недавно мне написал письмо некий молекулярный биолог с 30-летним стажем, и с места в карьер стал приводить негативные клише, которые вычитал у Балановских. Выяснилось, что сам ничего у меня не читал. Я его отослал к видео-лекциям, и оказалось, что он даже слушает их с негативным зарядом. Он постоянно путался в простых понятиях, принимая то, что у меня, за ошибки. Но я терпеливо с ним не спорил, каждый раз отправляя

его к последующим видео-лекциям, которые он еще не слушал. В итоге, выслушав все 18 видео-лекций, заключил, что все претензии снимает, всё в порядке.

Что касается "дискуссий по скоростям мутаций", то они вообще бессмысленны без того, что "оппонент" приведет СВОИ значения констант скоростей, и покажет, что расчеты с ними более правильны. Такого у моих "критиков" вообще никогда не было. Вообще надо понимать, в чем смысл дискуссии, какие задачи при этом ставятся, и чего хочет добиться оппонент. Русофил и русофоб никогда ни о чем не договорятся. Никогда не придут к общему согласию "Крымнаш" и "крымневаш". Балановский никогда не согласится с ДНК-генеалогией, потому что для него крах. Поэтому он всегда будет лгать, передергивать, перевирать, и избегать прямых дискуссий. И никогда не признается, что был неправ. Это - не ученый, это - недоразумение.

#### **ДНК-генеалогия как историческая наука. А. Клёсов 24 июл 2017 в 14:23**

Уважаемый Аманжол, мы благодарны Вам, как археологу, за ценные замечания, но может быть дождаться ответов Анатолия Алексеевича? Иначе получится не Прямая линия с профессором Клёсовым, а бенефис Аманжолу Абдрахманову)))

Потерпите немного, или создайте отдельную тему, например, по андроновской культуре.

#### **Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 14:33**

ДНК-генеалогия, прошу прощение, не хотелось бы устраивать "бенефис", просто сделал некоторые уточнения. Никким образом не хотел затмить славу великого учёного, говорю вполне серьёзно, хотя долю иронии по отношению к себе имею. Вопросы к Анатолию Алексеевичу непременно будут. Что касается андрона, так с ним не все однозначно. По этой теме скорее всего придётся проводить отдельное "расследование", уж слишком там все запутанно, а результатов по палеогенетике кот наплакал, как в прочем и с остальными культурами.

#### **Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 16:26**

Уважаемые участники и читатели ресурса "ДНК-генеалогия как историческая наука. А.А. Клёсов", я приступаю к этой Прямой Линии с некоторым опасением, надо признаться. До сегодняшнего дня я воздерживался от участия в социальных сетях, кроме Переформата,

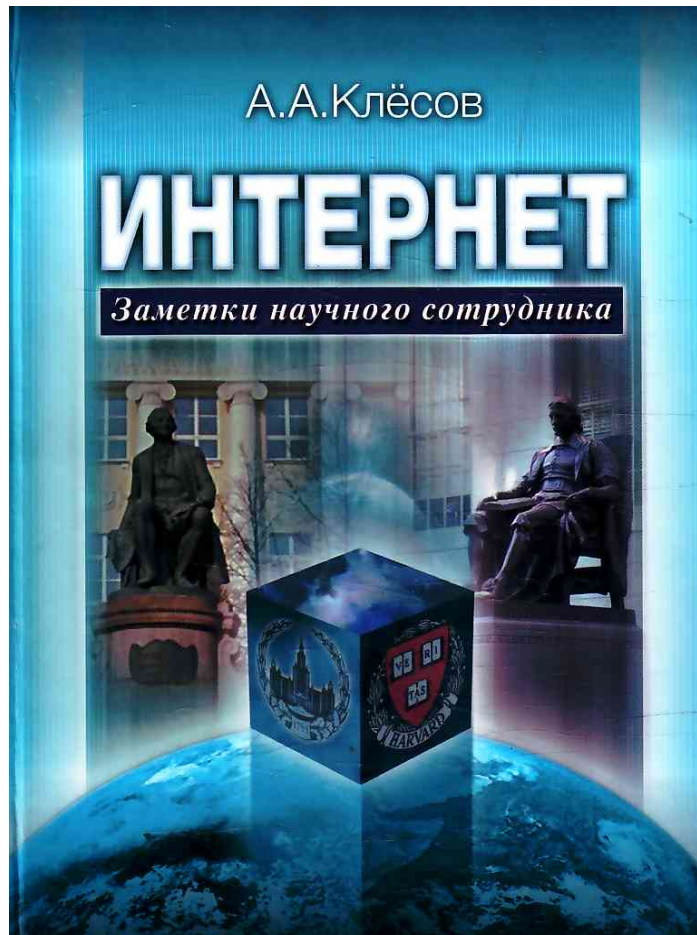
который не считаю "социальной сетью". Я не участвую в Фейсбуке, Линкд-ин, и никогда не препираюсь в открытых сетевых дискуссиях, считая это делом бессмысленным, особенно когда эти "дискуссии" давно превратились в вербальные помойки. То, что не участвую, является для некоторых парадоксом, поскольку я работаю в международных сетях с 1982 года, и в некоторой степени стоял у истоков того, что через 8 лет назвали "Интернетом". Если кто не читал мою книгу "Интернет" и многочисленные описания этого в прессе, то кое-что есть здесь <https://www.youtube.com/watch?v=i42n4K5XJAM&featu>

Продолжаю. После 35 лет в сети я избегаю тратить свое время (и время других) на практически бесполезные разговоры. Надеюсь, что этого здесь не будет, а если будет - я просто буду таких игнорировать, уж извините. Теперь о другом - за несколько часов поступило более ста заявок быть "друзьями". Прошу извинить, но, как говорил хрестоматийный персонаж, "на такое мы пойтить никак не можем". У меня как человека старой формации отношение к слову "друзья" весьма серьезное. Я должен заслужить быть кому-то другом, и наоборот. Поэтому на данной стадии моей работы здесь - а это именно работа - я могу зачислить в "друзья" только членов Академии ДНК-генеалогии, и тех, кто сделал особенно много для ДНК-генеалогии. Пока таких двое из 123 заявленных. Прошу меня простить, но, как говорит Библия, "много званых, но мало избранных". Хотите перейти на уровень "избранных" - приложите силы стать членами Академии ДНК-генеалогии. Это не так сложно - знать свои гаплогрупп-субклад-гаплотип, и обратиться к директору Академии, кандидату исторических наук Всеволоду Игоревичу Меркулову, изложив свои желания и мотивы. Итак, введение закончено, приступаем.

**Сергец Кудашоа 24 июл 2017 в 16:41**

Уверен, опасения напрасны, поскольку мы не первый год развиваем настоящий ресурс ВКонтакте, и наша группа, в целом, выгодно отличается от большинства подобных ресурсов.

Для тех, кто не знаком, книга Анатолия Алексеевича Клёсова "Интернет. Заметки научного сотрудника".



**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 17:14**

Уважаемый "Сергей", миграций культур без миграций людей - сколько угодно. Когда мы, школьники, танцевали твист в начале 1960-х годов в школьном танцзале на крупнейшем ракетно-космическом полигоне Советского Союза, то культура Западного мира до нас добралась, хотя самих людей с Запада у нас быть просто не могло. Они для нас тогда были как инопланетяне. А их культурная инвазия уже была. Этот пример и аналогии можно развивать сколько угодно. У меня в 1987 году был (в Москве) компьютер IBM, но это не американцы мне его принесли. Аналогии можно привести и из древнего мира. "Горшки - не люди", как помните. Но я предпочитаю рассуждать не общими категориями, а на конкретных примерах. Методами археологии можно, конечно, проследить миграции, но с массой погрешностей и ошибок, как показывает опыт. Как правило, их и не прослеживают. Мне недавно прислали с Украины толстый том статей археологов, и я в очередной раз читал сотни описательных статей, ни в одной из которых о миграциях и не упоминалось. Подробно описывалось то, чего нашли, как правило, без датировок (или условных датировок "методом стратификации", то



есть по аналогии с другими захоронениями), и практически все статьи заканчиваются тем, что "надо проводить дальнейшие исследования". Я читал том с карандашом в руке, и из тысячи страниц нашел, наверное, только пару фраз, которые могли пригодиться для ДНК-генеалогии.

Я вовсе не критикую тех археологов, у них такая жизнь. У лингвистов, кстати, похожая. Но, отвечая на Ваш вопрос, конечно, есть многочисленные свидетельства миграции людей, которые переносили свои гаплогруппы и субклады на тысячи километров. О том, какие это были "массовые" миграции, сведений нет, да и зачем это Вам нужно? Когда раскопки и извлечения ДНК свидетельствуют о том, что в Европе были R1a-M459, которые в срубной культуре (например, Самарская область) продолжились как R1a-M459-Z645, а в синташтинской культуре на Южном Урале и в Индии продолжились как R1a-M459-M645-Z2123, то ясно, что дальние миграции были, и мы видим их динамику. А массовые они были, или не массовые, тем более даже без определения, что такое "массовые", кому это особенно интересно? На корабле Mayflower, который в 1620 году прибыл из Англии в США, было всего 102 пассажира и 30 человек экипажа, а какая могущественная страна в итоге получилась, не так ли? В ДНК-генеалогии вообще нет понятия "массовые" или не "массовые", и ничего, живем и работаем.

В отношении языков, "всегда" или "не всегда", опять вопрос ставится не в том виде. Надо не общие вопросы выдвигать, а проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Конечно, языки в любом случае переносят люди, если это не по радио или телевидению с интернетом. А уж какая дальнейшая судьба тех языков - зависит от конкретной ситуации. Есть и конвергенции, и дивергенции, и заимствования, и чего там только нет в конкретных ситуациях. Во времена СССР большинство людей в союзных республиках знали русский язык - там что, конвергенция или дивергенция была? Да просто родители понимали, что если дети русский язык не освоят, то будут чабанами. Многие и свой язык забывали, а говорили на русском. Теми же путями языки распространялись, что и люди? Да кто их знает, да и кого это так интересует, в таком-то контексте? На какой важный вопрос Вы хотите ответить? Какую историческую загадку решить, да чтобы люди ждали ее решения? А ведь это и должен быть основной вопрос.

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 17:25**

О "любительской карте миграций". Мне такие карты не нравятся, даже когда их порой похваляю, но, как правило, просто не хочу обижать человека. Эти карты, как правило, фантазийные, "по понятиям", потому что полны натяжек и необоснованных фантазий. Туда тащат все "до кучи", включая устаревшее, верное и неверное. Возьмем R1a, откуда у

автора ДАННЫЕ, что из Сибири они прошли в Таримский бассейн? Да так, автор так подумал. Данных нет. То, что в Таримском бассейне R1a пока неидентифицированы, субклады неизвестны, вовсе не дает основания уже тянуть туда стрелку. И далее, откуда у автора сведения, что они из Таримского бассейна прошли в Индию?? Да к тому же двумя путями?? А из Афганистана вдруг к хеттам?? Откуда вдруг ямная культура оказалась R1a, а если нет, зачем она на карте R1a? И так далее, сплошные недоработки, недодумывания, фантазии. Мне подобные карты не нужны, у меня они в голове, но в виде колышащегося поля, постоянно меняющегося очертания, с каждой новой находкой.

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 18:24**

Анатолий Алексеевич, путаница с картами знатная. За Таримский бассейн так сразу и не отвечу, были ли там R1a 12 тыс лет назад, но 4 тыс лет назад они уже точно там были. Часть археологических памятников принадлежат к культурам андроновского круга. Ханкансинь и Гумугоу - андроновские памятники, постандроновские культуры там тоже представлены. Ещё есть афанасьевский пласт, если с уверенностью предположить, что носители афанасьевской культуры принадлежали к R1b, тогда картина этнообразования несколько проясняется.

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 17:29**

Уважаемый Nik, Ну поскольку Вы и так всё знаете ☹, то и отвечать нечего.

**Nik Danev 25 июл 2017 в 2:02**

Анатолий Алексеевич, я так понял, что написано верно?!!! Спасибо, но буду рад если есть ваша лекция по эта тема. Потверждение. Это не моя позиция, но я думаю что верна... Будьте здоров!

**Анатолий А. Клёсов 25 июл 2017 в 10:19**

Уважаемый Nik, все написанное не может быть верным, тем более в вопросах древней истории. Наука развивается, и постоянно вносятся поправки. Тем более что Вы сами пишете, что это "не Ваша позиция", иначе говоря, Вы кого-то пересказываете. Но пересказываете весьма категорично, а это обычно признак неспециалиста. Специалист значительно более осторожен в высказываниях, потому что знает, что многое основывается на мнениях и вольных интерпретациях, а не на

прямых данных. *"Нет никаких индо-ариев или славяно-ариев"*, пишете Вы. Но что такое "нет"? Индо-арии - признанный термин в истории, археологии, лингвистике. К нему можно придираются (и я иногда придираюсь), но я, когда придираюсь, то даю свою версию, кто такие были индо-арии, а это зависит от контекста. Например, индо-ариями можно назвать ариев, которые пришли в Индию. Ну вот, а Вы говорите, что таких нет (то есть не было). Уже грубая ошибка с Вашей стороны. Возможно, Вы имели в виду что-то другое, но зачем тогда категоричность? Славяно-ариев как термина действительно нет в научной литературе, но если дать мотивированное и обоснованное определение, то могут появиться. Дело-то ведь в терминах, которые создаются людьми. Сегодня нет, а завтра есть. Поэтому не категоричными фразами надо сыпать, а обоснованными положениями.

Далее, индо-ариями некоторые называют тех ариев, кто вышли из причерноморской Индики. Там обитало племя "индов". Видите, опять вопрос определений. *"Термин "славяне" появится тысячелетиями после термина "арии", поэтому совершенно некорректно писать "славяно-арии"*. Да, с этим можно согласиться, что такого термина нет. Но если кто введет такой термин, и его обоснует, то может и появиться.

*"Есть Тракийцы = арийцы = болгары = европейцы, которые и создали индийскую и европейскую культуру"*. При всем уважении к болгарам, принять категоричное утверждение, что болгары "создали индийскую культуру", я просто не могу. Опять откровенный перебор неспециалиста. К тому же нет в научном обороте термина "арийцы", есть "арии". Во всяком случае в русском языке. *"Андроновская культура арийская и имеет более ранний прототип в Болгарии"*. Возможно, но голословно вбрасывать такие положения просто нельзя, это - нарушение принципов дискуссии.

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 17:36**

Уважаемая Дарья, тот ролик - постановочный, рекламный, актерский. Нет, такие тесты с такими ответами сделать нельзя. Можно сделать лучше, и более информативные, но надо всегда сначала ставить вопросы, что именно Вы хотите узнать. Для женщин делают тест по митохондриальным ДНК <http://dna-academy.ru/>, его уже прошли многие десятки человек в московской Лаборатории ДНК-генеалогии. Поинтересуйтесь, как выглядят результаты теста на многих примерах, и поймете, что нового для Вас такой тест даст. Советую прочитать мою статью "Се - человек, о женщинах" в книге "Происхождение славян" (изд. Алгоритм, 2013).

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 17:44**

Уважаемый Amangol, критиковать в общем виде и выдвигать пожелания - дело довольно беспроектное, но памятник Вам за это не поставят. "Однако интерпретация их недостаточно верна" - ну что же, добро пожаловать в науку. Вы думаете, что, например, в изучение канцерогенеза и изучения природы рака интерпретация "всегда верна"? Наука развивается от неверных к более верным интерпретациям, но бывает, что и наоборот. Или зигзагом. "Необходимо пересмотреть" - карты в руки. Пересмотрите. "Пересмотреть реконструкцию" - то же самое, карты в руки. "Ошибочное мнение" - вперед, давайте "мнение" верное, но верных мнений без экспериментальных подтверждений не бывает, или если бывают, то никто к ним серьезно не относится.

**Amangol Abdrahmanov 24 июл 2017 в 17:53**

Анатолий Алексеевич, Вы правы. Конечно у меня есть свои версии, и если в группе получится формат общения, непременно поделюсь своими соображениями. У меня появилась идея. Чтобы избежать "бесполезного времяпровождения" задавайте вопросы нам, посмотрим, что из этого получится. Я, например считаю, что в эпоху энеолита никакого распада ПИЕ не было, распад, конечно был, но гораздо раньше, и ДНК- генеалогия косвенно подтверждает мою версию.

**Анатолий А. Клёсов 24 июл 2017 в 18:17**

Общий комментарий- я здесь отвечаю на вопросы, а если у кого-то есть свои теории и представления, то оформляйте их в виде статей в Вестник Академии ДНК-генеалогии. Как правило, при подготовке статей сам автор видит, что его теории сырые, доказательств нет. "Я считаю" - нет в науке такого понятия, и в статье они приняты быть не могут. Тогда какой смысл здесь всё это обсуждать? Просто терять время и электронные чернила. Так что не обижайтесь, с моей стороны такие дискуссии, на уровне "я считаю", буду избегать.

**Дарья Петрова 25 июл 2017 в 7:45**

Спасибо большое за ответ! Буду читать ваши книги.

**Вероника Северная 25 июл 2017 в 7:47**

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Вопросов накопилось много, буду задавать по одному, чтобы не путаться. Но все они так или иначе связаны со славянскими миграциями.

1- В связи с тем, что наша московская лаборатория работает уже больше года, интересно было бы узнать новые детали картографии снипов R1a. По северу РФ есть доминация каких-то ветвей? Север это от Москвы и выше. Хотелось бы знать положение ветки Z92, лидирует она в этих районах, или нет. Я думаю Вы поняли, что я веду к кривичам и вятичам. Хотя понимаю, что северные районы наверняка проигрывают по статистике южным. Насколько мы продвинулись в статистике по этим районам.

2-Вопрос по балто-карпатской линии 1 (YР951). Анализируя статью коллеги из Вестника №81 (Моя генеалогия и ДНК-генеалогия, Евгений В. Пайор), как вариант исторической реконструкции, склоняюсь к мысли, что это могла быть ильменьковская ак (археологическая культура), и по датировкам, и по географии расселения. Там очень маленькая статистика по народам Поволжья, что вполне понятно. Вторая версия более банальна, русские князья совершали династические браки и с половцами, и с татарами, есть многочисленные летописные подтверждения. Могли и занести балто-карпатскую линию за Волгу. Но это случаи всё же единичные, и более поздние по временной шкале. Вопрос: Теоретически, имея мы протяженные гаплотипы по европейским снипам и поволжским, смогли бы мы увидеть на дереве разделение двух ветвей, как, например, у евреев и арабов? Ильменьковцам сейчас полторы тысячи лет, около двух. И по идее их потомки должны иметь свою чётко выраженную линию, отличную от европейского брата. А линии князей средневековых моложе, как минимум, на 500 лет, и должны не так сильно выделяться. Я правильно рассуждаю, поправьте если нет. Вопрос чисто теоретический.

3-По венграм. Посмотрела карты Рожанского на сайте академии. Там указаны снипы Z280 и M458 гт (гаплогруппы) R1a. Вопрос, какие линии прослеживаются у современных венгров, местные европейские? Недавно в Вашем выступлении слышала что у них практически нет гт N1с, а язык угорский. Но ведь угорский язык могли принести туда и носители других гаплогрупп. Например потомки тех же ильменьковцев, имеющих R1a (теоретически), и угорский язык (наиболее вероятно). Ведь археологические венгры на территории России так и не найдены. Возможно это была сборная солянка народов, говорящих на угорских языках. Вернусь к вопросу, чтобы не затерялся в дебрях рассуждений: какие ветви гт R1a у современных венгров, нижестоящие от 280 и M458?

4-Можно хоть пару слов о субкладе L664, гт R1a. Он в достаточном количестве представлен на картах Рожанского, а о нём мало что пишут,

было бы интересно узнать какие-то сведения в плане исторической реконструкции.

Спасибо большое. Может быть, ответите постепенно, учитывая очень большой разброс по темам заданным.

**Анатолий А. Клёсов 25 июл 2017 в 11:48**

Уважаемая Вероника, >1-...В связи с тем, что наша московская лаборатория работает уже больше года, интересно было бы узнать новые детали картографии сипов гг R1a. По северу РФ есть доминация каких-то ветвей? Север это от Москвы и выше.

Данные Лаборатории на это не ответят, люди часто переезжают. Нам-то дают адреса современные, или не ранее 100-200 лет назад.

>Хотелось бы знать положение ветки Z92, лидирует она в этих районах, или нет.

Z92, как и другие, разбросаны по всей России и Европе. Люди в России (в особенности) не сидят сиднем на одном месте тысячелетиями. Есть исключения, на, как правило, не в России. Мне на днях прислали серию гаплотипов R1a из Сербии – там сплошные северные ветви, есть и несколько R1a-Z92. Мой род происходит (начиная с 16-го века) с Курщины, восточно-карпатская ветвь R1a-Y2902, но брат сейчас живет на юге России, некоторые родственники уехали в Сибирь по Столыпинскому набору, несколько родственников в 18-м веке уехали работать на херсонские верфи, кто-то в Северном Казахстане. Вот и смотрите, кто где «лидирует». Да и сам общий предок курской ДНК-линии прибыл туда в 16-м веке в своем дворянском статусе, возможно, по царскому указу, откуда – данных пока нет.

>Я думаю Вы поняли, что я веду к кривичам и вятичам.

Нет, не понял. Не думаю, что без знания ископаемых ДНК кривичей и вятичей вопрос и ответ будут корректными.

>2-Вопрос по балто-карпатской линии 1(YР951)...склоняюсь к мысли, что это могла быть ильменьковская...

Наверное, хотели написать «именьковская». Но нет в науке термина «склоняюсь к мысли», нужны конкретные обоснования и перекрестные проверки.

*>Теоретически, имей мы протяженные гаплотипы по европейским снипам и поволжским, смогли бы мы увидеть на дереве разделение двух ветвей, как например у евреев и арабов?*

На любом реальном дереве гаплотипов есть ветви, это не вопрос. Вопрос – к чему конкретно их отнести. Опять нужны обоснования и конкретные исследования.

*> 3-По венграм... Вопрос, какие линии прослеживаются у современных венгров...?*

Такие вопросы можно задавать сотнями, благо регионов, этносов, народов много. Если интересно – загляните в базы данных, там венгров много, получите ответ. Такие вещи никто на память не помнит, надо специально изучать.

*>Недавно в Вашем выступлении слышала что у них (венгров) практически нет гг N1с, а язык угорский. Но ведь угорский язык могли принести туда и носители других гаплогрупп*

Технически могли, конечно, могли и инопланетяне. Нет слова «могли» в науке, надо выдвигать конкретные гипотезы и их обосновывать. Иначе что угодно можно предлагать и предполагать.

*>Вернусь к вопросу...какие ветви гг R1a у современных венгров, нижестоящие от 280 и M458? .*

Ответ тот же – обратитесь к базам данных, вся работа на час-другой, а то и быстрее. Это, конечно, если интересно и важно знать. А если неинтересно и не важно, то и не надо.

*>Можно хоть пару слов о субкладе L664, ггR1a, о нём мало что пишут, было бы интересно узнать...*

Пишут вполне достаточно, в Вестнике есть ряд статей, начиная с 2009 года, есть в статье про R1a 2012 года в журнале *Advances in Anthropology*. Его положение среди R1a есть в любой номенклатуре R1a, например, [https://isogg.org/tree/ISOGG\\_HapgrpR.html](https://isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpR.html) или <https://www.yfull.com/tree/R1a/>, образовался примерно 4700 лет назад, характерный признак – DYS388 = 10, вместо обычных 12.

**Сергей Орлов 25 июл 2017 в 13:19**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, очень рад видеть Вас на сайте, теперь к своим многочисленным почитателям Вы стали еще ближе, это очень приятно. Анатолий Алексеевич, вопрос хочу задать несколько

философский, по поводу религии и философии науки. Насколько близки, приемлемы или неприемлемы для Вас взгляды А. Эйнштейна, М. Планка по поводу религии, их веры в пантеистического Б-га, Бога Спинозы ? Насколько сейчас их взгляды могут оставаться актуальными? Спасибо.

**Анатолий А. Клёсов 25 июл 2017 в 21:34**

Уважаемый Сергей, на мой взгляд, религиозные представления, особенно приписываемые (или так понимаемые) выдающимся ученым, обычно рассматриваются слишком прямолинейно и примитивно. В отношении А. Эйнштейна они часто трактуются как противоречивые. Например, его крылатые выражения, как "Бог не играет в кости", или "Господь Бог изощрён, но не злонамерен" часто трактуются как свидетельства его, Эйнштейна, религиозности. Но так можно и проходные слова типа "слава Богу" трактовать как свидетельства религиозности. Мой опыт показывает, что в России люди неверующие часто понимают понятие "религиозен" слишком примитивно. Я знаю многих людей, которые "религиозны", ходят в церковь, и при этом являются крупными учеными. Но у них совсем не та трактовка религиозных убеждений, как это понимают люди нерелигиозные. Для них религия - это этическая система, глубокая совокупность этических принципов. Они совершенно не обращают внимания на "нестыковки" в Евангелиях, тем более что их там и нет, взгляните на мое небольшое исследование по этому вопросу. <http://pereformat.ru/2016/03/gospels-dna/>

А "критики" из штанов выпрыгивают, чтобы "уличить" Святые тексты в "путанице" и "нестыковках", не понимая, что это дело несимпатичное и постыдное. Неэтичное. Российские (или ранее советские) эмигранты, приезжая в США, с гордостью заявляют, что они "атеисты", а люди, услышав это, от них шарахаются. И всё потому, что "атеист" на Западе - это не просто "безбожник", а это по сути означает "я аморальный человек, мне чужда мораль". Каждый человек понимает "Бога" по своему, а люди все разные. По-своему понимают Бога и великие ученые, и классифицировать их понятия, играя в слова и термины - дело пустое. "Мысль изреченная есть ложь" - помните? В словах далеко не все можно отразить, особенно "тонкие материи". Когда я выступаю с лекциями или в зале, или по прямому радио, и мне задают вопросы на "божественные темы", я часто говорю - сейчас я сниму "научную шляпу" и надену "шляпу религии", тогда отвечу на ваш вопрос.

**Евгений Пайор 26 июл 2017 в 1:19**



Уважаемый Анатолий Алексеевич, недавно на стене этой группы была опубликована Ваша статья из Вестника [https://vk.com/dna\\_history?w=wall-86388164\\_16962](https://vk.com/dna_history?w=wall-86388164_16962) «О графическом представлении субкладов гаплогруппы R1a на одноименном Проекте FTDNA». Это проект под названием «R1a1a and Subclades Y-DNA Project» и сейчас в нем более 6700 пользователей. Пользователи, как водится, задают вопросы, администраторы - отвечают. В своих ответах они используют некоторые исторические реконструкции. У меня вопрос, насколько администраторы данного проекта разделяют подходы ДНК-генеалогии, её методологию. И более широкий вопрос, «заграничные» исследователи используют достижения и подходы ДНК-генеалогии? Состояние дел у нас мы представляем из Ваших статей и с сайта «Генофонд», где почти каждая статья о культуре из которой могли «выйти» славяне, заканчивается словами «корни ... говорят скорее за германскую принадлежность культуры».

**Анатолий А. Клёсов 26 июл 2017 в 7:27**

Уважаемый Евгений, та статья опубликована пять лет назад, и отражает состояние дел на то время. С тех пор, насколько помню, они ввели в состав администраторов И.Л. Рожанского, и это должно резко поднять уровень обсуждаемого в статье ресурса. Так что если Игорь Львович действительно участвует в работе Проекта и корректирует исторические реконструкции, которые предлагают другие администраторы, то это дело хорошее. Я за тем Проектом не слежу. Если у Вас есть сомнения в отношении конкретных интерпретаций, задайте вопрос, я постараюсь ответить.

*>И более широкий вопрос, «заграничные» исследователи используют достижения и подходы ДНК-генеалогии?*

По-разному. Нет единого коллектива под названием «заграничные исследователи», часто каждый во что горазд. Обычно это популяционные генетики, которые недостаточно образованы, чтобы использовать методологию и подходы ДНК-генеалогии. Например, они практически не рассматривают гаплотипы, и не понимают тот объем информации, что заложен в гаплотипах. Как результат, их интерпретации неверны, произвольны, «по понятиям», а надо по науке. Путаются со снипами, применяют устаревшие номенклатуры, как результат – пишут, например, R1b-V88, а тем на самом деле R1b-M269, поскольку индекс субклада в 2012 году изменился, а это уже пять лет назад. Они не понимают, что анализ гаплотипов резко ограничивает число «степеней свободы» в интерпретациях. Они редко рассматривают снипы, ограничиваясь просто их приведением в приложениях к статьям, а в основном тексте статьи и не упоминают. Там же где снипы

приведены в виде обширных таблиц (есть такие две-три статьи в мировой литературе за последние три года), он опять же в статье не рассматриваются. Результат – фантастические по непониманию материала интерпретации.

Пример игнорирования данных – недавняя статья по ДНК египетских мумий (это не фараоны, а обычные жители, причем все 90 образцов взяты из мумий одного египетского поселения). Из 90 образцов гаплогруппы определены всего у трех, гаплотипов вообще нет. Результат – довольно банальное обсуждение, опять «по понятиям». Главный вывод – что в древнем Египте почти не было негроидного населения, а сейчас негроидных там значительно больше. То, что негроиды могли своих не мумифицировать (например, были менее состоятельными), даже не рассматривалось. Да и вообще – кого особенно этот вывод заинтересует? А то, что в Египте в основном пришельцы из Ближнего Востока, видно и из беглого взгляда на состав их гаплогрупп в любом справочнике. Через пару недель на Переформате будет детальный разбор той статьи. А Вы говорите – «достижения и подходы ДНК-генеалогии». Не та у них квалификация для того, да и научной школы понятно, что нет. Попгенетика, одним словом. Но «тихой сапой» достижения списывают, правда, не ссылаясь на соответствующие наши статьи. Перестали использовать «скорости Животовского», например. Приняли ряд исторических выводов по миграциям.

*>...с сайта «Генофонд», где почти каждая статья о культуре из которой могли «выйти» славяне, заканчивается словами «корни ... говорят скорее за германскую принадлежность культуры».*

Это обычная ущербность людей типа «перекати-поле», они всегда автоматически принимают, что «западное» - первично, и все пришло на Русскую равнину со стороны. На самом деле картина разнообразная, и надо проводить конкретный анализ в конкретной ситуации, и рассматривать/анализировать альтернативные варианты, с обоснованием каждого. А то видят «похожие» жилища в древних поселениях на Урале и на Ближнем Востоке, и сразу – «это мигранты с Ближнего Востока». Где их гаплотипы - субклады на Урале? А вот R1a на Ближнем Востоке – сколько угодно, причем явно с севера, как легко показать. И подобных примеров – множество.

**Сергей Канаев 26 июл 2017 в 13:51**

Уважаемый Анатолий Алексеевич, очень интересны Ваши исследования Библии, очень важны и ценны некоторые Ваши замечания. Тем не менее, мне интересно Ваше отношение, да и вообще отношение ДНК-генеалогии, к современным изысканиям библейской археологии.

Анатолий Алексеевич, как Вы относитесь к научным выводам и представлениям по древней истории Израиля очень известных и авторитетных сейчас ученых, археологов Амихая Мазара и Израэля Финкельштейна? Вы могли бы согласиться с их видением библейской истории ?

**Анатолий А. Клёсов 26 июл 2017 в 18:14**

Уважаемый Сергей, мне неизвестны по сути результаты «современных изысканий библейской археологии». Перефразируя известный анекдот, процесс вижу, результатов не вижу. Много лет выписывал англоязычный «Журнал библейской археологии», а потом перестал, потому что разговоров много, реклам масса, а результатов, тех самых «по сути», нет. Несколько лет назад в том журнале прошла информативная статья о том, что библейских историй нет в учебниках истории Израиля, и академическая наука их не признает. Это, естественно, мало что означает, сегодня не признает, завтра признает, но тогда для «завтра» должны быть основания, в том числе (и в первую очередь археологические), а их нет. Возможно, я что-то пропустил, если так, поделитесь, только данными, а не размышлениями, типа «я думаю...»

*>... как Вы относитесь к научным выводам и концепциям по древней истории Израиля очень известных и авторитетных сейчас ученых, археологов Амихая Мазара и Израэля Финкельштейна ? Вы могли бы согласиться с ихним видением библейской истории ?*

Если можно, то сообщите, какие выводы и концепции у них Вы имеете в виду. Я несколько лет назад пролистывал их книгу «В поиске исторического Израиля» (2007), но опять, слов и «философии» много, но все как-то «общего плана». Энциклопедии определяют как высшее достижение Мазара – находку древних ульев в Израиле давности 9-го века до н.э. Это вряд ли относится к библейской истории.

**Анатолий А. Клёсов 26 июл 2017 в 18:17**

От комментариев по мнениям (в основном именно мнениям) психоаналитиков воздержусь, это не моя сфера деятельности. С точки зрения представителя естественно-научной школы, это всё говорильня, извините за жесткую формулировку.

**Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 6:36**

Давайте воспроизведем Ваш исходный вопрос, заданный выше: "мне интересно Ваше отношение, да и вообще отношение ДНК-генеалогии, к

современным изысканиям библейской археологии". Я ответил - "мне неизвестны по сути результаты «современных изысканий библейской археологии»". Видите разницу - Вы спросили про "отношение к изысканиям", а надо бы про "отношение к результатам изысканий". Кому интересны "изыскания" без результатов, или изыскания вместо результатов, не так ли? Я потому и ответил про "результаты", которых я не знаю. Далее Вы дали серию цитат, сопроводив их словами про "библейскую критику", но ведь Ваш исходный вопрос и мой ответ был не про это, а про "библейскую археологию". Этого в цитатах нет вообще. Поэтому предлагаю это обсуждение завершить, иначе оно превращается в "сказку про белого бычка".

**Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 7:09**

Уважаемые коллеги, мои краткие впечатления после трех дней работы в этой Прямой линии. В целом всё в порядке, всё нормально. Прекрасно понимаю, что это не есть научный ресурс, и далеко не все здесь придерживаются стиля и сути научной логики, иного и не ожидалось. Поэтому никакого разочарования нет, хотя именно поэтому профессиональные ученые (я предпочитаю термин "научные сотрудники") на такие ресурсы обычно не ходят. Они обычно считают это пустой тратой времени. Я так не считаю, если не пройдена некая черта, после которой ясно, что продолжать бесполезно. Но этой черты я пока не вижу, и думаю, что ее и не будет.

Основной мой мотив участия в этом ресурсе, а именно в "Прямой линии", в том, что я профессиональный исследователь и преподаватель, и вижу свою важную роль в том, чтобы на конкретных примерах наглядно показывать читателям и выступающим их сбои в стиле и сути научной логики. Основные положения такие - при упоминании автора или источника желательно цитировать, а не пересказывать своими словами. Пересказ, как правило, искажает оригинал, и либо запутывает обсуждение, либо приводит к нежелательным коллизиям, особенно когда "пересказывается" участник дискуссии. Далее, необходимо придерживаться того, о чем началось обсуждение. К сожалению, часто, получив четкий ответ, оппонент не желает признавать, что ответ получен, и начинает бесконечные уходы в сторону. Это губит обсуждение и ведет к напряжениям.

Далее, часто выдергивается один источник, хотя известны и другие источники, с противоположными выводами. Но оппонент придерживается только одного, и не мотивирует, почему этот, а не другие. Часта категоричность, причем оказывается, что она основана на каком-то одном мнении (!). Часто цитируется популярная статья, а они большей частью подают искаженную версию исходной публикации.

При формулировании вопроса постарайтесь увидеть и предсказать, в каком виде ожидаете ответ. Я вовсе не призываю всех придерживаться научного стиля и логики, это в широкой аудитории практически невозможно, но я призываю понимать цену (именно так) своим высказываниям, и понимать, что есть множество других вариантов. Хотите усилить вес свои высказываниям - обосновывайте, а не просто вбрасывайте. Тогда дискуссия оказывается намного более содержательнее. Хорошие примеры здесь уже есть, и я рад, что многие уже достигли высокого уровня в понимании принципов квалифицированных дискуссий.

### **Вероника Северная 27 июл 2017 в 9:40**

Посмотрели с коллегами венгров в FTDNA, там в основном недотипированные все, маленькая статистика. Будем ждать. Представлены: R1a-Z283, -L1029, -Z92, -M198.

По поводу миграции людей и превалирования одних линий на одной территории хотелось бы привести пример. Во-первых, эрбины Западной Европы как сели, так и сидят до сих пор, хоть и разъезжаются, ну это полу-шутка конечно же. Свой пример: мы начали заниматься проектом "Чудиновых", и в том числе решили посмотреть, сколько людей с такой фамилией зарегистрированы на сайте vk, и как они распределены по регионам. Смотрели только крупные города. И как ни странно, а скорее всего это закономерность - северные регионы преобладают, Пермь, Спб, Москва - понятно. Хотя ведь не так много людей пользуются интернетом, есть же ещё и деревни, и маленькие городки. Но процентное соотношение сохраняется в общем по северу. Надеюсь что с потомками вятичей так же...))). Будем ждать палео днк. Карту прилагаю.

## Крупнейшие города России



Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 10:49

Да, не очень коллеги постарались. Ну вот Вам еще 77 венгерских образцов гаплогруппы R1a. Из них 18 евреев (в основном CTS6), 10 центрально-европейской ветви (M458-L1029), 10 восточно-карпатской ветви (Y2902), 10 западно-карпатской ветви (YR340), 9 западно-славянской ветви (M458-L260), 5 южно-карпатской ветви, трое балто-карпатской ветви (CTS3402), трое из балтийской ветви (L366), и еще одиночные из северо-карпатской ветви, центрально-евразийской ветви, двое из южно-арийской ветви (Z93-Z94), северо-евразийской ветви, и еще несколько в разработке. А теперь вопрос - "ждать" для чего? Какая задача ставится? Или просто "любопытно"?

Amangol Abdrahmanov 27 июл 2017 в 9:49

Уважаемый Анатолий Алексеевич, у меня к вам вопросы: есть ли помимо Оленеостровского маркера другие результаты тестирования того же времени? У меня есть версия о существовании суперкластера гаплогруппы R1a в Восточной Европе в эпоху мезолита. Вопрос второй - насколько прослеживается по возрасту миграции R1b в Малую и Переднюю Азию по ДНК тестированию?

**Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 10:58**

Уважаемый Amangol, такие данные есть, например, по культуре гребенчатой керамики (R1a), есть по нарвской культуре, есть по мезолиту на Украине. Посмотрите последние статьи на Переформате по ископаемым образцам ДНК, по данным, опубликованным в 2017 году, две статьи уже опубликованы, еще две - в прогрессе. "Версии" о R1a в Европе в эпоху мезолита опубликованы уже давно, в статьях 2009-2012 гг, и еще в книгах по ДНК-генеалогии. Теперь нужны не версии, а конкретные данные. Время версий уже прошло. Что касается гаплогруппы R1b, то это времена примерно 6000 лет назад, это тоже давно опубликовано, последняя публикация - книга "История ариев и эрбинов" (2017). Статьи об этом есть и на Переформате.

**Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 11:04**

Уважаемый Сергей, мы подходим к красной черте. Где я писал о том, что имена Фрейда, Юнга и Фромма ничего не значат в психоаналитике? И что все "однозначно"? Прошу не приписывать мне то, что я не говорил, или то, как Вы поняли мои слова. Хотите прокомментировать - цитируйте прямую речь, я уже об этом писал выше. Искаженные пересказывания ведут к лишнему обмену комментариями.

**Анатолий А. Клёсов 27 июл 2017 в 11:25**

Уважаемая Вероника, данные интересные, но, наверное, только в одном - что треть всех Чудиновых обозначены в Перми (возможно, не в самом городе, а в области, из карты это не очень ясно). Но Вы понимаете, конечно, что происхождение фамилии далеко не обязательно связано с названием племени чудь, а это основной постулат в Проекте. Более того, это название еще давно стало собирательным, и обозначает целый спектр понятий. Наконец, для подавляющего большинства людей в России фамилии появились относительно недавно, и, бывало, целые деревни получали одну и ту же фамилию по прихоти барина. Иначе говоря, племя чудь и фамилии Чудинов имеют временной разрыв во много веков, и было бы более чем удивительно, если бы люди знали (или помнили), что 600-700 лет назад предки того человека были из племени под названием "чудь". Я вовсе не хочу Вас сбивать с проекта, которому Вы уже уделили немало времени, но Вам понадобятся невероятные усилия для обоснования реальности исходного постулата.

**Вероника Северная 27 июл 2017 в 15:52**

Анатолий Алексеевич, спасибо большое за венгров!! Меня собственно балто-карпатская ветвь интересует, и именьковцы..)). К кому их только ни причисляли, но рано или поздно будет палео-днк, вот и проверим.

По Чудиновым я, конечно, иллюзий не питаю, как показывает генеалогия, большинство однофамильцев не являются родственниками. Наша задача - собрать исторические сведения по этой фамилии, донести до людей, и пробудить интерес к ДНК-тестированию. Там очень интересные данные на самом деле, и дети боярские, и тысяцкие первых князей, боевое сословие изначально и было. И чем больше будет статистика, тем вернее интерпретации полученных данных. Тут всё просто. Дело за малым...))). Статью в Вестник готовим потихоньку на эту тему. Ещё раз спасибо.

### **ДНК-генеалогия как историческая наука. А. Клёсов 28 июл 2017 в 10:23**

Убедительная просьба ко всем участвующим в обсуждении не редактировать свои уже заданные вопросы и комментарии после ответа на них Анатолия Алексеевича!

За этим следят админы, искажения недопустимы, исправленный комментарий в случае нарушения будет снят, вплоть до внесения его автора в "черный список" группы.

### **Amangol Abdrahmanov 28 июл 2017 в 13:50**

Основная волна миграций носителей R1a связана с представителями андроновской культуры (туда можно включить раннебронзовые культуры Поволжья: полтавкинскую, потаповскую и абашевскую, отчасти и фатьяновскую. В конце 3 тыс образовался мощный субкультурный кластер близкородственных по языку и этносу племён. Судя по всему, этот кластер медленно продвигался на восток в Южное Приуралье и Среднюю Азию, Южную и Восточную Сибирь. Юг РР (Русской равнины) и Уральская зона в середине 3 тыс представляла собой плавильный котел, где образовывались современные этносы индоевропейской семьи. Миграции ариев, если реконструировать, по аналогии будут напоминать "русскую конкисту" 16-19 вв. Сами "миграционные волны " были поступательны и растянуты во времени на несколько веков. Ранние периоды миграции ариев в Индию могут датироваться 21-19 вв до нэ, поздние 11-9 вв до нэ. ( хотя есть и более поздние инвазии, связанные с походами Александра Македонского и вторжением тохаров, но это уже другая история). Также стоит отметить



факт участия ариев в сложении западно-тюркского кластера в это же время.

Единственной существующей проблемой на настоящий момент является поиск изначального места зарождения ариев (то место, откуда они мигрировали), Балкано - Карпатский регион подходит по ряду параметров лишь частично. Также частично претендуют на роль прародины ариев энеолитические культуры Восточной Европы: культура воронковидных кубков, ленточной керамики и на позднем этапе культура валиковой керамики. По орнаментальным мотивам генетическая близость андроновцев возникает с культурами гребенчатоямочной керамики севера Восточной Европы позднего неолита (особенно у федоровцев).

По андрону можно достаточно чётко проследить миграционные процессы и этнообразование конца 3 -2 тыс до нэ. Однако следуют также акцентировать внимание на тот факт, что представители вышеперечисленных культур имели фенотипные различия в антропологическом плане, но имели по ДНК- маркерам гаплогруппы одной гаплогруппы R1a, это значит, что суперкластер гаплогруппы R1a существовал в пределах Восточной Европы от Одера до Урала как минимум с эпохи мезолита. Что касается языка, на котором говорили арии, то скорее всего это был девангари (варварский санскрит), этот язык был языком транскоммуникативным, подобно латинскому языку в римской империи, греческому империи Александра Македонского в древнее время или же как английский язык в современном мире. Именно на базе этого языка и образовывались этнические группы (народы) как внутри ИЕ, так и синкретические кластеры, как тюркский и финно-угорский.

**ДНК-генеалогия как историческая наука. А. Клёсов 28 июл 2017 в 14:12**

Amangol, здесь Анатолий Алексеевич отвечает на вопросы, Ваш вопрос в чём?

**ДНК-генеалогия как историческая наука. А. Клёсов 28 июл 2017 в 14:25**

Amangol, так где вопрос то? На предыдущие Вам уже ответы были даны.

Специально пересмотрел ветку, вопросов от Анатолия Алексеевича к Вам тоже не поступало. Было общее пожелание оформлять свои соображения в виде статьи в Вестник.

**Amangol Abdrahmanov 28 июл 2017 в 14:39**

Анатолий Алексеевич, вызываю вас на дискуссию, тема " Миграционные процессы конца энеолита - начала эпохи бронзы». Можете задавать вопросы по сравнительной лингвистике и археологии, в свою очередь буду задавать вопросы по ДНК-генеалогии, ответы будем сопоставлять в тематике и выработать общую концепцию. Первый вопрос за Вами.

**Анатолий А. Клёсов 28 июл 2017 в 18:03**

Уважаемый Амангол, Вы, видимо, ошиблись с адресом. Это – прямая линия для моих ответов на вопросы, а не для изложения Ваших воззрений. В следующий раз я подобное буду просто удалять. Я уже Вам объяснил, что для этого есть «Вестник Академии ДНК-генеалогии». Но в таком формате, что Вы представили, это не пойдет и туда, потому что у Вас - не научный формат, а голословные утверждения. Вы, видимо, не уловили, что положения надо обосновывать, желательно перекрестно. А у Вас уже с первой фразы пошел «поток сознания». Что такое «основная волна»? Количественно? Где данные? Или что-то еще? Почему «основная» - это андроновская культура? Опять, количественно? Что еще там «основное»? А срубную культуру куда дели? Катакомбную? Прочие? Что такое «этноты индоевропейской семьи»? Индоевропейский – это язык, откуда там «этноты», для которых свои определения? Где они? Иначе говоря, формат этой Прямой линии совершенно не предназначен для таких голословных вбросов, без должных определений, обоснований, конкретных данных. На каком основании упоминаете тохаров? Что Вам о них известно, конкретно? Надеюсь, больше об этом не будем.

Как Вам справедливо пояснили, дискуссию со мной Вам надо еще заслужить. Пока оснований для этого не вижу. Пока от Вас идут сумбурные и путанные вбросы, как можно на таком уровне "дискутировать"? Вам уже предлагалось подать статью в Вестник, но написать ее вдумчиво, по правилам научной статьи, обосновывая каждое положение фактическими данными. Вы же, как замечаю, склонны к вбросам "по понятиям". И хотите "дискуссию". Так не пойдет. И потом - зачем так церемониально - "Анатолий"? Я человек простой, давайте и Вы проще, меня устроит всего лишь "Анатолий Алексеевич". Я же всего лишь раза в два старше вас, может, и в три, и всего лишь академик Национальной академии, так что зачем такие церемонии?

**Allanus Cudarianus 28 июл 2017 в 14:44**

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич. Мой вопрос следующего характера: являются ли осетины, в свете новейших исследований их ДНК, потомками алан полностью, частично, или вообще не являются?

**Анатолий А. Клёсов 28 июл 2017 в 18:26**

Уважаемый Allanus, в свете новейших исследований ДНК-генеалогии, и осетины, и ингуши, и карачаево-балкарцы, каждый в своей части могут быть потомками алан. Дело в том, что на территориях, на которых историки-археологи фиксируют алан, и в предположительно (или определенно) аланских захоронениях, найдены гаплогруппы R1a, G2a, и J2a. R1a характерна для трети карачаево-балкарцев, и G2a характерно для другой трети их же, та же G2a характерна для 75% осетин, и J2a характерна для 80% (по памяти) ингушей. Возможно, будущие находки подкорректируют эту картину, но сейчас ситуация такая. Любые попытки это оспорить не могут считаться научными, и подлежат "постановке на вид". Если более напрямую, то оспаривающий указанные факты не может относиться к научному кругу. А если еще более напрямую, то просто болтуны. В науке принято оперировать фактами, а не словами "по понятиям". В настоящее время в Академии ДНК-генеалогии готовится "Аланский проект", в котором важную роль займет изучение ископаемых ДНК алан из Карачаево-Балкарии, Осетии и Ингушетии, возможно, и Чеченской республики. Кто хочет оказать содействие Проекту, будем приветствовать.

**Дмитрий Корнилов 28 июл 2017 в 14:54**

Анатолий Алексеевич, как Вы относитесь к тейярдизму и верите ли Вы в жизнь после смерти, в так называемую "загробную жизнь" ?

**ДНК-генеалогия как историческая наука. А. Клёсов 28 июл 2017 в 15:01**

Дмитрий, простите, а Вы? Если можно кратко, да или нет.

**Анатолий А. Клёсов 28 июл 2017 в 18:28**

Уважаемый Дмитрий, 1) никак, 2) нет.

**Дмитрий Корнилов 28 июл 2017 в 15:30**

Тот же Эйнштейн в загробную жизнь не верил, говорил, что ему достаточно и одной жизни. А Нильс Бор, к примеру, будучи

лютеранином, наверное, признавал понятие души и ее жизни после смерти. Вообще подавляющее большинство Нобелевских лауреатов - это христиане. В общем, есть вопросы. Интересно мнение Анатолия Алексеевича.

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 6:34**

Если Вы считаете, что загробной жизни нет, и я так считаю, то тогда предмета дискуссии нет. Зачем тогда продолжать? Тем более что наука так тоже считает, а потому этот вопрос и не рассматривает. Он за пределами науки, он в поле «веры». Не вижу в этом ничего «морально сложного». Тем более что Вы сами путаетесь – то Вы пишете *«Тот же Эйнштейн в загробную жизнь не верил, говорил, что ему достаточно и одной жизни»*, то *«...жизни после смерти нет, те кто считают, что она есть, как говорил уже упоминаемый здесь А. Эйнштейн...»*. Или это из разных энциклопедий переписано?

Что же касается Вашего вопроса о «свободе воли», то для меня это очередная говорильня. Как и «человек не может захотеть по своей воле». Понятие «говорильня» я определяю как набор слов без четких их определений, и тогда говорящий может крутить их как хочет, вкладывая смысл по своему хотению, или менять его опять же по хотению. Это же делает и его оппонент. Какой тогда смысл в дискуссии? Его и нет.

**Сергец Кудашоа 28 июл 2017 в 15:46**

Вышла любопытная статья о ханаанцах [http://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(17\)30276-8](http://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(17)30276-8). Сообщения СМИ уже с заголовком: "Генетики нашли потомков жителей легендарного библейского Ханаана". Также утверждается:

"Наследниками легендарного библейского Ханаана, "земли обетованной", являются современные жители Ливана

РИА Новости <https://ria.ru/science/20170728/1499318071.html>

А также в тексте:

"Примерно пять тысяч лет назад в регион проникли пока неизвестные нам племена из Ирана, смешавшиеся с местным населением. Это частично подтверждает теории древних греков, считавших ханаанцев родичами персов и других народов Персидского залива".

РИА Новости <https://ria.ru/science/20170728/1499318071.html>

Насколько достоверны выводы статьи? Соответствует ли им журналистская трактовка? Как в целом оцениваете статью?

**Анатолий А. Клёсов 28 июл 2017 в 17:46**

Уважаемый Игорь (примечание – многие тексты «Игоря, Сергея, Дмитрия» сняты, это оказался один и тот же человек, см. следующую часть Прямой линии), к сожалению, в Ваших вопросах перемешаны времена и эпохи. Впрочем, это типичная ошибка, она же недоразумение.

Начнем с понятия «народ». У этого понятия есть разные определения, но близкие по сути. Это – население, в данном случае РФ и Украина, и это историческая общность людей, общность как в культурно-этническом, так и в политическом смысле. Часто слово «народ» эквивалентно слову «нация». Можно придумать или найти вариации, исключения, но это всегда и во всем можно найти, когда дело касается совокупности людей.

Так вот, когда я говорю, что украинцы и русские – один народ, я обычно (или всегда) добавляю «по происхождению». Родовой состав украинцев и русских практически одинаковый. Как и белорусов, причем одинаковый как по основной (по численности) гаплогруппы, так и до минорных гаплогрупп.

Можно много играть в слова, типа «государственно-политический», «этнический», «биологический», и педалировать либо сходства, либо различия, которые всегда можно найти хоть между Краснодаром, Ростовом, Пензой или Рязанью. Вопрос в том, что педалирующий хочет «доказать». Понятно, что Украина и Россия сейчас разные государства, у них разные, хотя и похожие языки, политически это два разных образования. Вы это хотите доказать? Тогда Вы ломитесь в открытые ворота. Паспорта разные – значит, и народы разные. Значит, разделенные. Но еще сто с небольшим лет назад это было одно государственное образование – Российская империя. Народы не были разделены. И таких примеров на планете масса. То одна ситуация, то другая. Так что Вы хотите доказать или обосновать? Поясните, пожалуйста. Но я знаю, что когда за рубежом я встречаю украинца, белоруса или поляка, то нас, как правило, объединяет нечто, что отсутствует при встрече голландца, бельгийца или испанца. Можем и выпить вместе, и поболтать, но уже принципиально по-другому. И завтра мы опять разошлись, и опять люди разные, хотя улыбаемся и говорим «хай».

Можете считать меня шовинистом, но для меня украинцы – русские.

Когда украинцы и русские стали разделенным народом? Да когда получили разные паспорта, это не вопрос. Да и сейчас миллионы украинцев переехали в Россию, и получили (или скоро получат) российские паспорта. И опять станут русскими, единым народом. Как самые разные люди стали американцами или французами. Просто не надо гнать психоз, и всё будет нормально.

*>Вы иногда говорите про украинцев как про "подлых черкас", неуместно цитируя какие-то там мемуары...*

Можно, я сам буду решать, уместно или неуместно? Спасибо. Опять, не надо гнать психоз. Я цитировал не мемуары, а исторические документы, военные донесения из архивов. «Подлыми черкасами» в этих документах именовали изменников из тех, кого мы сейчас назвали бы украинцами. Они дергались то к полякам, то к татарам, то к туркам, то к литовцам. С какой это стати я буду к ним уважительно относиться? Ласковые имена придумывать? Подлые – они и были подлые. Ничего братского в них не было. И бандеровцы были подлые, и не зря их массово вешали в Киеве в 1945-46 годах. Привести архивные фотографии? Впрочем, сами найдете в сети. Причем здесь Гоголь? Естественно, среди казаков было множество достойных людей. Да, у меня казацкие корни (по материнской линии), но к моим предкам-казакам у меня никаких претензий нет, а мой дед по той же линии стал Георгиевским кавалером в 17 лет, на Первой мировой, фото на моем сайте.

Так что не надо сусальных картин, типа «что же так некорректно о казаках?». Когда изменники и предатели – буду об этом говорить, как и в отношении тех русских, которые были изменниками и предателями. С теми, кто русофобы, они же изменники и предатели, у меня разговор жесткий. Читайте очередную статью на Переформате, которая вот-вот выйдет.

**Анатолий А. Клёсов 28 июл 2017 в 18:35**

Уважаемый Дмитрий, "некоторые положения квантовой механики позволяют говорить, что жизнь после смерти все-таки существует" - это фантастически вольная трактовка положений квантовой механики. Вы сами такую трактовку придумали, или у кого-то списали? Если второе - советую более критично относиться к тому, что списываете. Желательно докапываться до таких вещей самому. Это же относится и к тем, кому "будоражит умы". Лучше пусть им "будоражат" дела земные - меньше воровать, не лгать, честно трудиться, и так далее.

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 7:42**

Уважаемый Дмитрий, перепутали то, что в одном месте написали, что Эйнштейн в загробную жизнь не верил, а в другом месте, рядом, написали, что Эйнштейн в загробную жизнь верил. Я выше оба Ваших высказывания процитировал. Перечитайте. Но поскольку мы эту тему закончили, то продолжать не будем.

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 8:09**

Уважаемый Сергей, Вы процитировали только вторую цитату, а первую не упомянули. Я бы не стал это повторять, но поскольку дело касается А. Эйнштейна, то придется. Повторяю: "Тем более что Вы сами путаетесь – то Вы пишете «Тот же Эйнштейн в загробную жизнь не верил, говорил, что ему достаточно и одной жизни», то «...те кто считают , что она (жизнь после смерти) есть, как говорил уже упоминаемый здесь А. Эйнштейн...». Поскольку в целом предложение сложное, допускаю, что возможны разные прочтения, тогда дискуссии тем более нет.

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 7:26**

Игорь, я вынужден удалить Ваш комментарий не только как откровенно неприличным (не хотелось бы использовать слово хамский), но потому, что Вы или не хотите, или неспособны читать текст. Говоря об изменниках тех, кого называли "подлые черкасы", я в противовес писал о том, что среди казаков было множество достойных людей. Вы это не увидели? Я писал и об изменниках среди русских, которые, конечно, были, и мы об этом прекрасно знаем. Вы же начинаете переворачивать написанное мной, что я якобы пишу о всех казаках как изменниках, и переходите на истерический тон. Если будете продолжать, будете удалены с сайта.

**Amangol Abdrahmanov 29 июл 2017 в 5:03**

Уважаемый Анатолий Алексеевич прошу извинить за мой поток сознания и подобное "обращение", поторопился изложить свою точку зрения", да вышло несколько сумбурно, признаюсь и каюсь, грешен. Тема настолько обширная и такое множество вопросов, что отвечать на каждый нужно последовательно, столько смежных научных дисциплин затрагивают вопрос о древнем этнообразовании.

Попробую ответить и соответственно задать вопросы, которые меня волнуют и могут подтвердить мои догадки, и возможно только потом, если мои предположения подтвердятся, возьмусь за статью: Ответ

первый, почему я считаю андроновскую волну "основной", прежде всего очевиден один непреложный факт - на территории распространения самой культурной общности нет "доминирующих" культур, на всем пространстве существования лишь один маркер - андроновский, а это значит, что на всем пространстве, где расселялись андроновцы, была единая культурная и языковая константа, более того, в ту эпоху андроновцы-арии привнесли новые технологии ведения хозяйства.

Миграций в обход андроновского барьера просто не существует, нет более таких культур, археологические данные это подтверждают и именно количественное, как Вы выразились. Что касается срубной культуры и иных культурных образований, то они действительно родственны (хотя срубники и неоднородны по этническому составу, а значит, резко должны различаться не только по гаплотипам, но и по гаплогруппам. Срубники - наиболее субстратная культура, в сложении которой принимали все соседние культуры того времени : пост-ямные, абашевские, фатьяновские, катакомбные, и даже андроновские (возможно, влияние раннеандроновских племён было доминирующим, так как ДНК- маркеры андроновцев и срубников родственны.

Этноформирование древних племён эпохи бронзы не было "хаотичным", как казалось бы, а имело локальный характер по направлению центр- периферия, а посему в периферийных районах мы и наблюдаем возникновение новых этнических групп, как близкородственных, так и чужеродных. Любая археологическая культура динамична в своём развитии, если, например, те же срубники на раннем этапе были носителями R1b, то на развитом этапе процент R1b сократился за счёт увеличения гаплогрупп R1a или L, ярким примером могут служить башкиры. А на более позднем этапе "доминанта" гаплогруппы может и нивелироваться.

Что касается катакомбников, то вопрос с ними должен решаться несколько особым порядком. Что такое этносы индоевропейской семьи?! Отвечаю. Я считаю, что распад ПИЕ произошёл в эпоху мезолита, почему? (Здесь я прошу прощения за использование вашей науки ДНК-генеалогии). Судя по всему, первоначально гаплогруппы как раз и определяли этническую принадлежность. Гаплогруппу R можно условно назвать "протоиндоевропейской", далее из гаплогруппы R отделяется R1b (кельтская), которая распадается на три группы западноевропейскую, центральную и переднеазиатскую (иранскую(?)) Каждая ветвь образует свои кластеры, а значит в рамках этих кластеров, на периферии, возникают этносы, языки которых не расходятся в результате распада, а наоборот, образуются под субстрацией.

Этнос (индоевропейский в особенности, есть ещё и африканские) прежде всего образуется из родовых и племенных общин. Если



рассматривать именно андроновцев, то там все " фиксируется". На начальном этапе миграции группы резко отрывались от от основного центра и в условиях изоляции вступали в гендерные связи с аборигенным населением, так и возникали субстратные роды, которые и давали новые языки в ИЕ- семье. Кстати, хочу обратить внимание на тот факт, что языки группы "кентум" практически вымерли, а вот "редуктивные языки " развиваются и даже образуются, как урду, например. Мультипликативность ИЕ-языков объясняется транскомуникативным фундаментом "праязыка" (в данном случае не совсем подходящий термин) иными словами объясняя "существование готового языка", на базе которого и образовывались другие диалекты, а затем и языки. Судя по всему такой язык и был, и даже есть, он развивается до сих пор, догадайтесь о каком языке идёт речь?!

А вот здесь, уважаемый Анатолий Алексеевич, мы подходим к вопросу собственно " протоиндоевропейского языка" которого " не было" ( в том понимании, которое вкладывают лингвисты. Древний трансязык как таковой был протоиндоевропейский, возможно тоже был 20 тыс лет назад, языки группы кентум первые отделились от ПИЕ- кластера.

Я понимаю, что ДНК-тестирование из материалов памятников эпохи Верхнего Палеолита и Мезолита достаточно редки и работы в этом направлении практически не ведутся, но наличие Оленеостровского маркера наталкивает на мысль о существовании мощного кластера гаплогруппы R1a на территории от Одера до Урала в то время. Балкано-Карпатская зона в эпоху энеолита была периферийной и передовой, и судя по всему "внутренние мигранты" привнесли с собой новую технологию производства в эпоху энеолита-неолита. Вместе с тем нет никаких признаков массовой миграции в эпоху неолита из БКд региона в Европейскую часть СССР, это бы отразилось на изменении состава археологических культур, что было бы отмечено археологами. Качественные изменения археологических культур наблюдается только в конце эпохи энеолита(распад ямной культуры например, или приход фатьяновцев и катакомбников). Что касается тохаров, то по всей вероятности на раннем этапе развития их предки были эрбинами (афанасьевцы), но для этого нужно подтверждение ДНК-анализом. (Кстати, европейские лингвисты проводят в реконструкции лингвистического дерева прямые линии от хеттов к тохарам ( Аткинсон, 2003).

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 6:35**

Уважаемый Amangol, я вынужден повторить, что подобное обсуждение, или тем более дискуссия, в таком формате невозможны. Вы продолжаете вбрасывать плохо определенные понятия, опять «по понятиям»,

извините за каламбур. Я вообще не уверен в применимости понятия «этнос» к древним археологическим культурам, или «этнос» для таких ситуаций надо специально определять и обосновывать. Я не знаю, что за «андроновский маркер» Вы имеете в виду, и опять не обосновываете. Уже одно понятие, как «единая культурная и языковая константа» «на всем пространстве, где расселились андроновцы», требует отдельной статьи с соответствующим фактическим материалом, а у Вас это дается (вбрасывается) походя, под запятой. Это же относится и к срубникам, в отношении которых Вы вводите понятие «этнический состав», да еще про то, что они «должны различаться по гаплогруппам». У Вас есть соответствующие данные? Или просто «соображение»? Если второе – то уже не пойдет. Не надо так торопиться.

И остальное по срубникам, что Вы «вбросили». Откуда Вы взяли, что *«те же срубники на раннем этапе были носителями R1b»*? Источник? Или сами придумали? Если так, то это недопустимо. И при чем там башкиры? У Вас есть датировки по гаплогруппам башкир? Тем более «ярким примером»? Где этот пример по башкирам с его обоснованием? Оборота «я считаю» в науке нет, есть конкретные данные, а когда они есть, то не «я считаю», а «данные показывают». Фраза *«гаплогруппу R можно условно назвать "протоиндоевропейской" – не надо таких «условностей», надо обосновывать. А таких обоснований, полагаю, быть не может в принципе. R1b – не «кельтская» гаплогруппа, я сам еще десяток лет назад так написал, на ранней стадии ДНК-генеалогии, а потом оказалось, что «обоснования» рассыпались под натиском новых данных. А у Вас обоснования вообще не упомянуты.*

Я предлагаю вбросы в таком размашистом стиле остановить. Что делать – я Вам уже не один раз предлагал. Похоже, Вы решили использовать этот ресурс для изложения своих взглядов. Но он создавался не для этого. Поэтому ответов не будет.

**Сергей Орлов 29 июл 2017 в 6:02**

Почему очень сильно отличается время жизни общего предка между двумя 111-маркерными гаплотипами (разница между ними всего 10 мутаций) и время, подсчитанное с помощью снип-мутаций, вывлеченных с помощью теста BigY. Время жизни общего предка по двум 111-маркерным гаплотипам, которые принадлежат одному субкладу и которые находятся рядом при выстраивании ветвей 111-маркерных однородных гаплотипов, подсчитывалось с помощью калькулятора Килина-Клесова. Время жизни общего предка, подсчитанное с помощью снип-мутаций, рассчитывалось компанией YFull. Разница во времени жизни общего предка, подсчитанного с помощью указанных методов расчета – 450 л. И такая тенденция наблюдается не только в данном

конкретном случае. Об этом много пишут на разных международных форумах, профессиональные генетики - о разности получаемых расчетов по гаплотипам и снипам, существенной разности. Как это все можно объяснить ?

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 7:17**

Уважаемый Сергей,

*>Почему очень сильно отличается время жизни общего предка между двумя 111-маркерными гаплотипами (разница между ними всего 10 мутаций) и время, подсчитанное с помощью снип-мутаций, вывлённых с помощью теста BigY.*

Это очень просто. В данном случае Вы считаете время жизни общего предка двух конкретных гаплотипов, между которыми всего 10 мутаций. При таком малом числе мутаций погрешность в вычисленной датировке составляет плюс-минус 33%, если удовольствоваться достоверностью в 68%, и плюс-минус 66%, если желаемая достоверность 95%. Обычно новички о погрешностях забывают, и думают, что ответы точные. Именно поэтому я не рекомендую вести расчеты по двум частным гаплотипам, а если вести – то понимать, что это будет всего лишь первое приближение.

Далее, Вы не сообщили, какая разница была в числе снип-мутаций между этими двумя людьми, носителями двух 111-маркерных гаплотипов, которые различались всего на 10 мутаций, то есть их общий предок жил примерно 660 лет назад, а с погрешностью  $660 \pm 220$  лет назад. Поскольку он жил столь недавно (в понятиях ДНК-генеалогии), то расхождение в числе снипов между его современными потомками будет совсем мало. Сколько? Пять? Шесть? Но тогда погрешность в определении времени жизни общего предка, рассчитанное по снипам, составит 40-50% (и это при 68%-ной достоверности). Вот Вам и причина расхождения в расчетах.

*>Об этом много пишут на разных международных форумах, профессиональные генетики - о разности получаемых расчетов по гаплотипам и снипам, существенной разности.*

Можно только сожалеть, что «профессиональные генетики» не понимают столь простых вещей. Или это пишут вовсе не профессиональные генетики, а дилетанты, выдающие себя за генетиков. Далее, многие не понимают и другой простой вещи – расчеты по гаплотипам дают время жизни общего предка ДАННОЙ СЕРИИ гаплотипов, а снипы показывают, когда образовался данный СУБКЛАД. Это- совершенно разные вещи. Например, для группы из 11 человек

племени Мбо из Камеруна, у которых нашли гаплогруппу А00, общий предок жил 425 лет назад, а сама гаплогруппа А00 образовалась примерно 236000 лет назад (расчет по снипам), и 217000 лет назад (расчет по гаплотипам), разница между двумя последними датировками 9%. Ну, и что те «профессиональные генетики» скажут? Они должны усвоить понятие «бутылочное горлышко популяции».

**Amangol Abdrahmanov 29 июл 2017 в 7:41**

Уважаемый Анатолий Алексеевич я вас прекрасно понял, на сей счёт больше не будет подобных "изливаний". Попробую задавать вопросы по существу и по теме. Насчёт "условностей" то это пока "условно", до тех пор, пока эти обоснования не подтвердятся. Что касается срубников, тем более ранних срубников, да может и придумал, точнее предположил, что они могли быть эрбинами (прошу простить за проявление такой вольности), во многих археологических монографиях, посвященных срубникам авторы проводят культурогенетическую преемственность ямников и срубников. По башкирам я читал, что у них высокий процент гаплогруппы R1b вне ареала Западной Европы (38%). Благодарю, что просветили насчёт эрбинов, что они не кельты. Что касается "андроновского маркера", то он существует, это прежде всего керамика и орнамента, которая определяется сразу. Например есть чистый андрон в керамике (в основном федоровская), есть субстраты (андроноидные). Все культуры, проходящие через андроновский ареал, растворяются в нем, теряя свою самобытность или значительно видоизменяясь. Так произошло со срубниками и пост-катакомбниками Западного Казахстана в конце эпохи развитой бронзы. Поэтому и произошли эти два термина "андроновский маркер" и андроновский барьер».

Вроде бы на этом все. Перейдем непосредственно к вопросам: в исторической науке есть понятие "дисперсный импульс", если его применить к ДНК -генеалогии, то насколько был он мощным? И какие гаплотипы (снипы) гаплогруппы R1a были наиболее многочисленны и дисперсны по своей силе? Насколько в хронологическом порядке расходятся снипы Z93, Z645, Z280, M458 между собой?

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 7:57**

Уважаемый Amangol,

*>"во многих археологических монографиях ,посвященных срубникам авторы проводят культурогенетическую преемственность ямников и срубников"*

- это тот самый случай, когда ДНК-генеалогия выявляет несостоятельность подобных заявлений. Все обнаруженные ямки имели гаплогруппу R1b, срубники - R1a. Да, у башкир высокий процент гаплогруппы R1b, но дело в том, что у них гаплогруппы или одинаковы друг с другом, или очень близки, а это означает, что общий предок их жил совсем недавно, несколько веков назад. Поэтому к древним археологическим культурам их предков относить никак нельзя, во всяком случае до проведения детальных исследований. Как видите, поверхностные представления тех, кто берется за эти вопросы, служат им плохую службу. Увидели "R1a" или "R1b" - и вуаля, теория готова. А так нельзя, там есть гаплотипы, субклады, датировки, погрешности расчетов, и многие важные детали. Отсюда и многие "критики" ДНК-генеалогии, которые совершенно не разбираются в данной тематике.

Теперь к Вашим конкретным вопросам. Первый большого смысла не имеет, поскольку у гаплогруппы R1a около сотни нижестоящих субкладов, и у каждого от одного до десятков "параллельных" снипов. Далее, гаплотипы - это не снипы, Вам следует почитать основы предмета. Или послушать видео-лекции (их восемнадцать). Что касается хронологии, то снип Z645 образовался примерно 5500 лет назад, Z93 и Z280 - примерно 5000 лет назад, M458 - 4700 лет назад.

#### **Amangol Abdrahmanov 29 июл 2017 в 8:17**

И ещё вопрос, уважаемый Анатолий Алексеевич: Что же вызвало рост мутаций в Y-ДНК в рамках одной гаплогруппы за столь короткий период конца 4 - нач 3 тыс до нэ. И все ли субклады выходят из БК (балто-карпатского) региона в тот период? (Думаю, что все мутации были вызваны резким сокращением гендерных пар по субкладам Мт - ДНК, внутри родовых общин). И ещё вопрос - насколько коррелирует между собой Y-ДНК и Мт-ДНК, и как они образуют устойчивые фенотипные группы, например, если определенное время община находится в изоляции, то на один субклад Y-маркера должно приходиться от двух до четырёх пар Мт-маркера? На примере ирландцев, они генетические изоляты с 98% носители гаплогруппы R1b (поправьте, если ошибаюсь), сколько Мт-групп приходится на поддержания популяции и предотвращения от перерождения данного этноса.

И еще - является ли гаплогруппа A00 "человеческой" в прямом смысле этого слова, или относится к общей гоминидной? То есть носитель данной гаплогруппы должен принадлежать к роду Homo sapiens sapiens, а не к эректусам или неандертальцам? Есть ли палеоданные по ДНК-тестированию Homo idaltu? Если есть, то насколько антропологический облик может соответствовать реальности (приходилось слышать о скандалах в связи с реконструкцией черепа Идалту, в первоначальном

варианте он из палеоевропеоида превратился в негроида, минуя более ранние австралоидные черты).

**Анатолий А. Клёсов 29 июл 2017 в 10:05**

Уважаемый Amangol, а откуда такие сведения - «рост мутаций в Y- ДНК в рамках одной гаплогруппы за столь короткий период конца 4 - нач 3 тыс до нэ»? Обратите внимание, Вы часто вбрасываете такие якобы сведения, но не указываете источник, и не приводите никаких оснований для такого рода «информации». Вы это сами обнаружили? Честно говоря, сомневаюсь. Но тогда откуда списали, и почему решили, что то был надежный источник «информации»?

Чтобы самому такое посчитать, и не полагаться вслепую на мнения (именно так, мнения) «экспертов», Вам нужно было привести определенное количество ДНК-линий данной гаплогруппы, разбить их по субкладам, и в каждом подсчитать число накопившихся снп-мутаций за несколько веков, от «конца 4 до начала 3 тыс до н.э.». Уверяю Вас, никакого необычного роста в пределах погрешности расчетов Вы бы не обнаружили. Это звучит примерно так же, как «ускорение радиоактивного распада изотопа за период конца 4 до начала 3 тыс до н.э.». Смешно? Конечно, смешно. Потому что радиоактивный распад происходит неупорядоченно, с определенным временем полупревращения, иначе говоря, с определенной константой скорости радиоактивного распада. Точно также, накопление мутаций в Y-хромосоме происходит неупорядоченно, с определенной константой скорости накопления мутаций.

Далее, Вы упустили указать, о каких мутациях речь – снп-мутациях (необратимых), или стир-мутациях (обратимых), поскольку те и другие происходят в Y-хромосоме. Снп-мутации происходят во всей Y-хромосоме со скоростью примерно раз в поколение, или при пересчете на стандартный фрагмент Y-хромосомы в 8.47 миллионов пар оснований – раз в 144 года, плюс мелкие поправки. Неважно, за какой срок и в какой период времени – это одна и та же величина, поэтому она и называется «константой». В гаплотипах величина константы скорости мутации постоянна для каждого маркера, и потому для гаплотипов разной протяженности суммарная (или кумулятивная) константа скорости мутации разная, и зависит от того, из каких маркеров состоит данный гаплотип. Например, в 111-маркерных гаплотипах константа скорости мутации равна 0.198 мутаций на весь гаплотип за 25 лет. Разделите эту величину на 111, и получите, какая средняя скорость мутаций на маркер. Она тоже не меняется, сейчас это или тысячелетия назад, поскольку воспроизводится для разных серий гаплотипов, для разных

исторических событий, и перекрестно проверяется расчетами по снипам, если знать, было ли там «бутылочное горлышко популяции». Остальное, опять идет в Вашей категории «думаю». Пожалуйста, забудьте это слово, Вы им злоупотребляете, а оно науке в данном контексте чуждо. Думать надо при интерпретации данных, а не на уровне первичной информации, которая у Вас часто ошибочна. Так что забудьте про «гендерные пары». Что касается Y-хромосомы и мтДНК, то никакой корреляции там нет при практическом рассмотрении вопроса. И причем здесь «фенотип», если мы про ДНК-генеалогия? Нет в ней фенотипов. Пусть этим занимается популяционная генетика, они уже много дров наломали, наломают и там.

*>является ли гаплогруппа A00 " человеческой " в прямом смысле этого слова или относится к общей гоминидной?*

Это в основном вопрос определений. Как решим, так и будет, поскольку четких рамок здесь нет. Если специалисты соберутся и обсудят этот вопрос, причем на уровне фактов, а не крика, то могут и договориться. Никто не знает, можно ли предков современного человека в период 220-240 тысяч лет назад назвать *Homo sapiens*, или еще как. Хотя бы потому, что скелет его неизвестен. Скорее всего, в нем будут архаические особенности, но опять же нет четкой договоренности, какие конкретно архаические черты мешают (точнее, запрещают) назвать его носителем *Homo sapiens*. Например, ряд антропологов считают, что все скелетные остатки с датировкой ранее 36 тысяч лет назад имеют архаические черты в отличие от «анатомически современного человека», и не могут быть отнесены к виду *Homo sapiens*. А другие считают, что и с датировкой 190-200 тысяч лет назад могут быть отнесены. Здесь часто играют роль ненаучные факторы – кому-то хочется войти в историю с открытием древнейшего *Homo sapiens*, а кому-то хочется войти в историю с открытием предка *Homo sapiens*.

И еще, уважаемый Amangol, предлагаю Вам притормозить, Вы явно и непропорционально перегружаете эту ветку.

(Продолжение следует)

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 92

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

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

### LETTER 326

I've just read some notes written by you in the Internet. Especially some comments about haplogroup R -YP1272. You said that you know there are few present-day people with YP1272 in Russia, Belarús and Egipt.

I live in Northern Spain. I have done a test and I have YP1272 too. The company says that my origin is slave. Probably, from Belarús.

Now, I know it is a very rare haplogroup in present-day people and even more rare in Spain. But in northern Spain there is a región with more concentración in R1a than in others. I have tried to know how this is possible.

I only have read Russian information.

### MY RESPONSE:

R1a-YP1272 is a rare subclade indeed, it arose about 14,100 years ago. It is a downstream subclade from R1a-M459, which arose 18,200 years ago, and it produced YP1276 7,500 years ago. Thus, the dynamics of the subclades is as follows:

R1a-M459 > YP1272 > YP1276.

In a more detailed form it looks as follows (the flowchart by YFull):





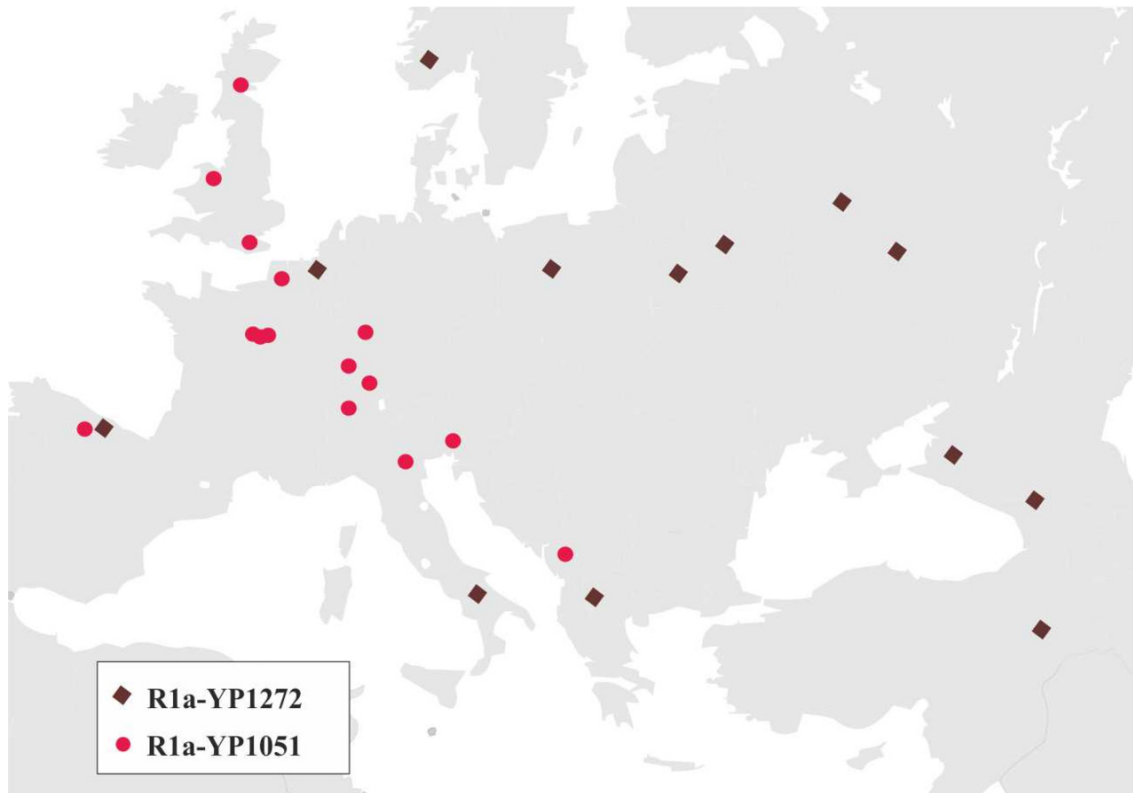
Indeed, it was found that one Russian and one Egyptian have YP1272, and one Belarus and one Tunisian have a downstream subclade YP1276. Of course, there are many more people having those subclades, however, they have not been tested as yet.

The company has said nonsense about slaves. Thousands years ago there were ancient R1a bearers in many places in Europe, possibly including Spain. They have migrated, changed places, etc. Some of them could have been captured by enemies, as anyone else, but there is no proof in any particular case.

## CONTINUATION

Thank you very much for you answer. One more question.

Below is the Russian map of the actual distribution of YP1272. There is neither France nor Spain there. Only one point of Northern Spain. I live there.



Do you think YP1272 came there during barbarian invasions after the fall of the Roman eEmpire, or it really was much earlier?

Because of their situation, I find it difficult for them to be imprisoned by Muslims when they met in Christian kingdoms. What do you think?

**MY RESPONSE:**

As you see, there are many points of YP1272 across the map. There will be many more after more people with have their DNA tested.

*>Do you think YP1272 came during barbarian invasions after the fall of the Roman eEmpire or it really was much earlier ?*

To answer your question, a special study is required. Some could be in Spain much earlier, some could have arrived in the 1<sup>st</sup> millennium AD or even later.

## ПИСЬМО 327

Давно хотелось не просто следовать за Вашими размышлениями, а самому проводить анализ. Я вытащил гаплотипы субклада R1a из ближневосточного проекта FTDNA

(<https://www.familytreedna.com/public/Middle-East?ifra..>),

но самостоятельно разобраться с программой не удалось. Насколько я знаю, Вы делаете это в пакете программ Phylip. Нужна какая-то инструкция, как Вы это делаете и какие установки (настройки) у специалистов принято закладывать в программу. Если это несложно объяснить, готов помогать в меру своих сил и понимания. Либо могу просто прислать извлеченные гаплотипы из ближневосточного проекта. Там есть и горстка гаплотипов из Ирана.

## МОЙ ОТВЕТ:

Программа для построения деревьев гаплотипов описана в отдельном разделе недавней книги "Практическая ДНК-генеалогия" на стр. 79-87. Там же сообщается о сопряженной программе MEGA. Все эти программы есть в сети. С настройками поиграйте сами, когда дойдете до этого этапа, и сообщите, что получается. Подсказка - серия гаплотипов копируется в окно программы PHYLIP в формате Excel (или txt), они все должны быть пронумерованы и иметь одинаковый формат. Результатом получается таблица в формате txt, ее название копируется там же в Neighbor, вводятся настройки по вкусу, и получающийся outfile переименовывается в файл tre. Он превращается в дерево гаплотипов.

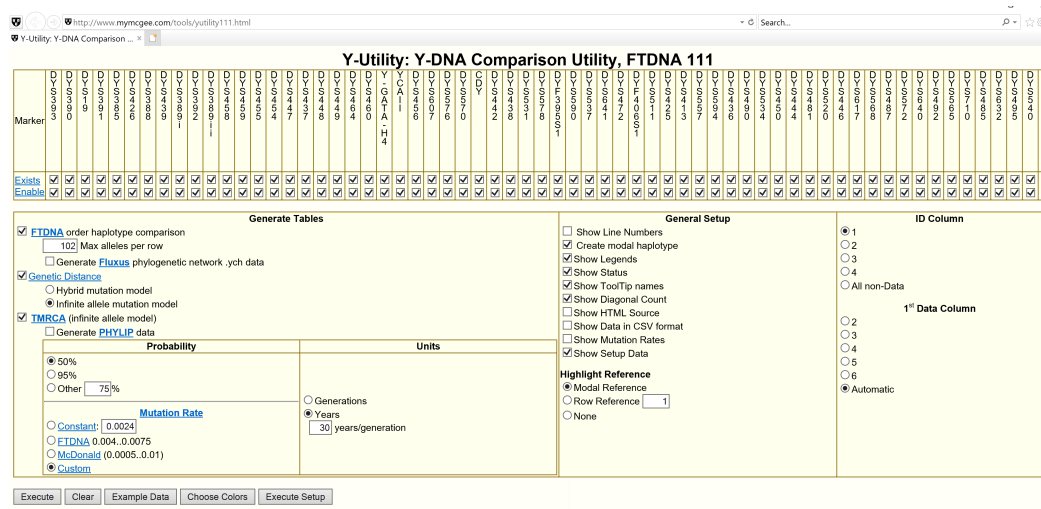
Гаплотипы присылать не надо, я их многократно исследовал. Пусть это будет Ваша работа. Если получится вполне законченное исследование, результаты его можете опубликовать в Вестнике Академии ДНК-генеалогии в виде статьи.

## ПРОДОЛЖЕНИЕ:

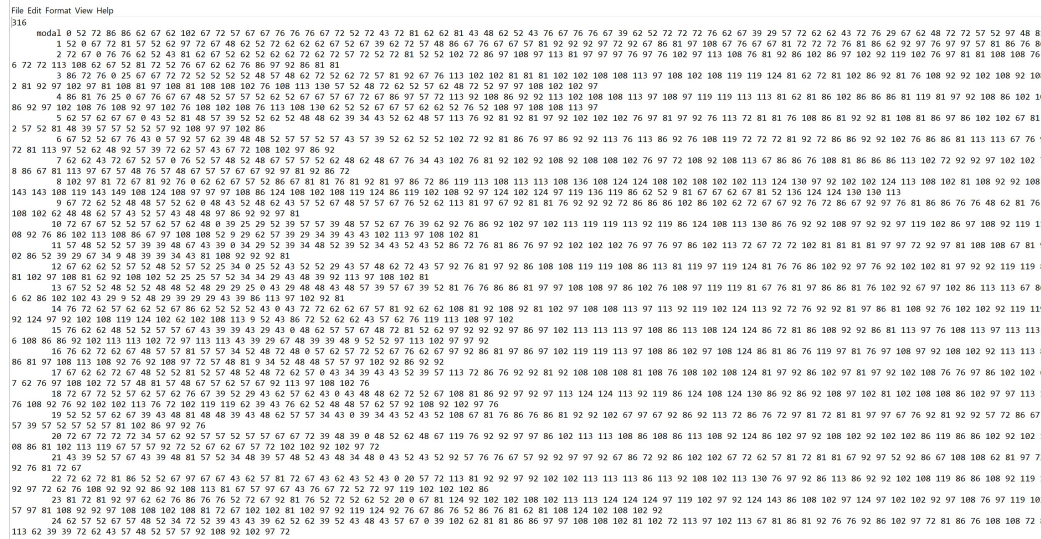
Понятно, что Вы не можете растолковывать каждому по отдельности, но очень специфическая и недружественная для пользователя программа, сходу разобраться не получается. Прежде чем заниматься большим количеством ближневосточных гаплотипов, решил поупражняться с гаплотипами Рюриковичей. В ряду программ в пакете PHYLIP я не увидел собственно исполняемого файла программы типа phylip.exe, поэтому куда копировать гаплотипы не понял. Входной файл подготовил вручную по образцу, но neighbor его не принимает. В программе kitsch дерево удалось построить. Затем перевел его в рисунок в программе DrawGram. Что делал не так и почему neighbor файл не принимает? Пока не разобрался, нет смысла двигаться дальше.

# МОЙ ОТВЕТ:

Да, программа весьма недружественная. Но мне будет трудно объяснить все шаги, поскольку я уже больше десяти лет работаю с программой "на автопилоте", и не слежу за последовательностью операций. В целом, сначала вводится матрица гаплотипов в Y-Utility



там ниже - окно для введения серии гаплотипов. Далее нажимается execute, программа выводит в новое окно матрицу, построенную по введенной серии гаплотипов. Она копируется и переносится в окно программы Phylip:



там сохраняется как текстовый файл под определенным названием. Это название вводится в Neighbor

```
neighbor.exe: can't find input file "infile"  
Please enter a new file name> 2018_N1a1_111_Nikishin_Rurik_315.txt  
  
neighbor.exe: the file "outfile" that you wanted to  
use as output file already exists.  
Do you want to Replace it, Append to it,  
write to a new File, or Quit?  
(please type R, A, F, or Q)
```

и выбирается R, далее файл сам переводится в окно

```
Neighbor-Joining/UPGMA method version 3.67  
  
Settings for this run:  
N Neighbor-joining or UPGMA tree? Neighbor-joining  
O Outgroup root? No, use as outgroup species 1  
L Lower-triangular data matrix? No  
R Upper-triangular data matrix? No  
S Subreplicates? No  
J Randomize input order of species? No. Use input order  
M Analyze multiple data sets? No  
0 Terminal type (IBM PC, ANSI, none)? IBM PC  
1 Print out the data at start of run No  
2 Print indications of progress of run Yes  
3 Print out tree Yes  
4 Write out trees onto tree file? Yes  
  
Y to accept these or type the letter for one to change
```

выбираются J и далее 9, это я так делаю, наверняка кто-то предпочитает другие варианты настройки, и программа создает outfile, который надо переименовать в то же (или новое) название с расширением .tre Появляется файл в формате MEGA, который и есть искомое дерево гаплотипов.

Я что-то, возможно, упустил, но это - принципиальные шаги.

Всего наилучшего,

### **ПРОДОЛЖЕНИЕ:**

Спасибо, похоже, что-то получается. Правда, пришлось кое-что поменять в настройках: Lower triangular data matrix изменить на Yes. В этом случае neighbor файл обрабатывает. Как только что-то получится с ближневосточными гаплотипами, я сообщу.

## ПИСЬМО 328

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

Появился вопрос. В интерпретации сказано: "Ближайший к Вашему гаплотип (под номером 432) принадлежит немцу, что для балто-карпатских ветвей совершенно неудивительно". О каком немце идет речь?

В целом Ваш проект нравится. Готовы поддержать его в Эстонии.

## 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.

Поддержать проект в Эстонии - дело хорошее. Кстати, у меня в Эстонии корни по материнской линии, мой прямой предок, полковник Евгений Трофимов служил в Тарту в царской армии в середине 19-го века, и женился на эстонке. Его правнук, мой дед - в прикреплении, фото 1916 года, I мировая война.



Так вот, наиболее прямой вариант поддержки Академии ДНК-генеалогии - это создание филиала (отделения) Академии ДНК-генеалогии в Эстонии. Задача филиала - работа по изучению ДНК-генеалогии в Эстонии, совместно с местными историками, археологами, антропологами, этнографами. Это включает как изучение древних, ископаемых ДНК, так и по возможности массовое тестирование мужского населения Эстонии на гаплогруппы-субклады-гаплотипы. Вряд ли это в ближайшее время это можно сделать на местных ресурсах, хотя в Эстонии есть известная школа популяционной генетики. Но они не владеют методологией ДНК-генеалогии, и могут предсказать, что будут тянуть "одеяло" на себя, и ничего из этого хорошего не получится. Это будет не история, а генетика. Для дела лучше, чтобы обработка результатов тестирования выполнялась в московской Лаборатории ДНК-генеалогии, и здесь же выполнялась персональная интерпретация.

Естественно, мы открыты для сотрудничества с эстонскими генетиками, но, повторяю, только в рамках ДНК-генеалогии, для проведения лабораторного анализа образцов ДНК, с получением гаплогрупп-

субкладов и гаплотипов. Диагностика, болезни и т.п. нас не интересует, да и юридический статус этого более чем шаткий.

Всего хорошего,