

РЕЦЕНЗИЯ НА КНИГУ: КЛЁСОВ А.А. НАРОДЫ РОССИИ. ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ. СПБ.: ПИТЕР, 2021. 784 С.

Е.В. Пайор

Академия ДНК-генеалогии
Россия, 127591, г. Москва, ул. Дубнинская, д. 26, корп. 1
e-mail: info@dna-academy.ru
SPIN-код: 4246-3927

АВТОРСКОЕ РЕЗЮМЕ

В рецензии рассматривается книга А.А. Клёсова, посвящённая изучению ДНК-генеалогии народов России.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: генетика, ДНК-генеалогия, народы России.

REVIEW OF THE BOOK: KLYOSOV A.A. PEOPLES OF RUSSIA. DNA GENEALOGY. St. Petersburg: PITER, 2021. 784 p.

Evgeny Payor

Academy of DNA Genealogy
Russia, 127591, Moscow, st. Dubninskaya, house 26, building 1
e-mail: info@dna-academy.ru

ABSTRACT

The review provides insights about the book by A.A. Klyosov, dedicated to the study of the DNA genealogy of the peoples of Russia.

KEYWORDS: genetics, DNA genealogy, peoples of Russia.

Летом 2021 года в издательстве «Питер» увидела свет новая книга профессора А.А. Клёсова «Народы России. ДНК-генеалогия». На 784 страницах автор описывает родовую структуру мужской части населения, проживающего в пределах Российской Федерации. Важно понимать, что рассмотрению подлежали представители многочисленных народов, для которых известны результаты тестов на гаплогруппы, субклады, гаплотипы Y-хромосомы. Для написания своей книги автор привлек широкий круг источников. Были использованы как научные публикации соответствующей тематики, так и базы ДНК-данных, формируемые на открытой, добровольной основе при коммерческих лабораториях, выполняющих ДНК-тестирование. Последнее обстоятельство позволяет существенно детализировать родовую структуру за счет более продвинутых тестов, слишком дорогих, а потому зачастую недоступных для исследовательских институтов.

В качестве отправной точки автор обратился к Всероссийской переписи населения за 2010 год. Каждому из 190 народов и народностей, проживающих на территории Российской Федерации, в книге посвящена от-

дельная глава с подробным рассмотрением доступных ДНК-генеалогических данных. По объективным причинам не все главы оказались равнозначными, поскольку сказывается различная численность народов, их вовлеченность в процесс ДНК-тестирования, наличие палеодНК и т.д. Так по малочисленным керекам, грекам-урумам, черкесогаям и некоторым другим народностям ДНК-данных не оказалось вовсе, рассмотрению же русских, украинцев, белорусов, татар, евреев, напротив, удалось уделить десятки страниц (Клёсов 2021).

Структурно книга делится на четыре части, поэтому рассмотрим каждую из них.

ЧАСТЬ I. НАРОДЫ РОССИИ, ИХ РОДОВАЯ СТРУКТУРА И ИСТОРИЯ МИГРАЦИЙ РОДОВ

В первой части автор представляет краткое резюме своей книги, описывает основные подходы ДНК-генеалогии, поясняет простейшие понятия развивающейся науки.

В этой же части автор приступает к рассмотрению народов России, в контексте их родового происхождения, по возможности описывая историю возникнове-

Анатолий Клёсов

Народы России



ДНК-генеалогия

Детальное исследование
190 народов



ния народа с точки зрения ДНК-генеалогии. Разбивка происходит по преимущественным гаплогруппам (родам), коих автор выделил шестнадцать, каждая в отдельной главе. Особо хотелось бы отметить важность «специального» раздела «Антинаучные высказывания о том, что русские – это финно-угры», в котором Клёсов указывает на фатальную ошибку популяционных генетиков, предоставивших «референсный геном русских» для Проекта «Human Genome Diversity Project» (HGDP) с границы Архангельской и Вологодской областей (López Herráez et al. 2009). Это усугубило и без того русофобскую полемику некоторых сетевых журналов обосновывая их ложные высказывания, что «русские – это никакие не “восточные славяне”, а финны» или «белорусы генетически очень далеки от русских, но зато очень близки к чехам и словакам. А вот финны Финляндии оказались для русских генетически ближе, чем белорусы». Эти и подобные высказывания озвучивают такие порталы как «Центр Льва Гумилёва», «ГолосИслама» и др. По сути они не являются научными или научно-популярными изданиями, и тем не менее Клёсов счел необходимым отреагировать на подобные изречения в своей книге.

Действительно, родовой (гаплогруппный) состав восточнославянских народов (как и любых других) имеет свои особенности. В 2020 году мы с коллегами опубликовали исследование Y-ДНК костного образца из захоронения восточнославянского племени криви-

чей IX – начала X вв. в Смоленской области, что на момент публикации являлся самым ранним из всех известных образцов, надежно принадлежащих славянам. В захоронении была выявлена гаплогруппа R1a-Z283, одна из основных ДНК-генеалогических линий на Русской равнине. Дальнейшее рассмотрение данных позволило соотнести образец с ветвью R1a-Z283-YP569, которая является наиболее характерной для современных уроженцев Волго-Окского междуречья (Меркулов и др. 2020). Общий предок субклада YP569, согласно расчетам по гаплотипам, составляет 2300 ± 250 лет. Сейчас носители ветви на уровне 5-10% встречаются среди этнических русских, белорусов, украинцев – это указывает на общее происхождение части мужчин перечисленных народов и это не единичный пример. В главе «Русские, украинцы, белорусы, русские казаки» Клёсов сравнивает родовую структуру этих народов, убедительно обосновывая их родственность и общность происхождения.

ЧАСТЬ II. ОСНОВЫ ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

Как того требует любая молодая отрасль или научное направление, автору книги необходимо определить понятия, дать основные определения. Это помогает лучшему восприятию материала для широкого круга читателей, как любителей, интересующихся «молекулярной историей» человечества, так и специалистов

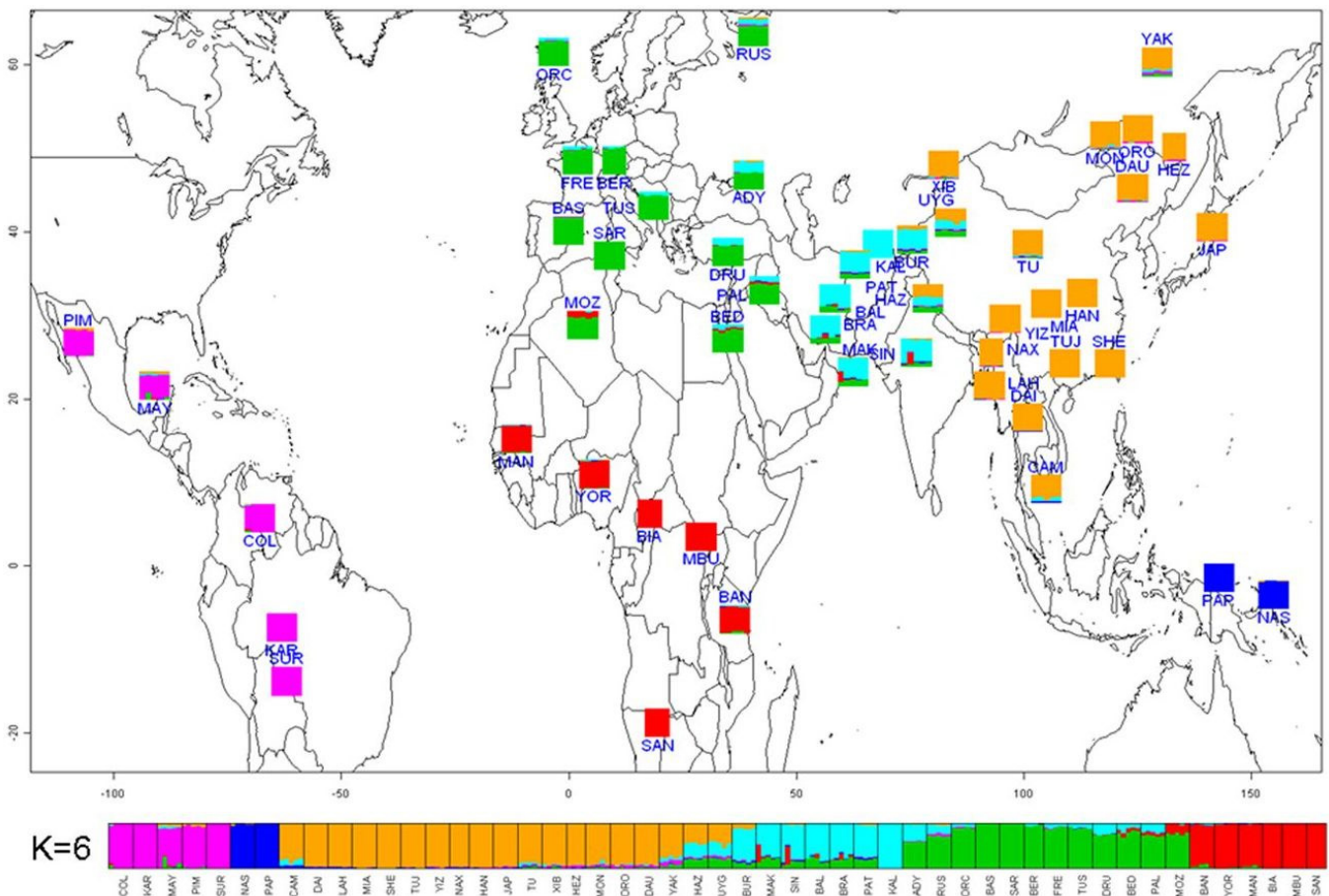


Рис. 1. Frappe results for K=6. Each color indicates a different ancestry component (López Herráez et al. 2009)

из смежных дисциплин, во избежание недопонимания по причине различий в понятийных аппаратах.

Автор – доктор химических наук, профессор, иностранный член Национальной академии наук Грузии по Отделению биологических наук по специальности «биохимия», используя подходы физической химии, или ее раздела под названием химическая кинетика на конкретных примерах показывает подходы ДНК-генеалогии.

Надо отметить, что часто можно услышать о «некорректности теоретических основ “ДНК-генеалогии”, её методов и выводов» и дело представляется так, что якобы А.А. Клёсов является единоличным автором оригинальной концепции, будто бы не признанной другими специалистами. По нашему мнению, такая постановка вопроса очень вредит развитию не только ДНК-генеалогии, но и генетической генеалогии и более широким историко-генеалогическим исследованиям.

При написании второй части данной книги автор основывается на массиве научных публикаций, многие из которых были подготовлены им в соавторстве с Д.С. Адамовым, признанным ныне авторитетом в анализе ДНК, одним из основателей YFull (Адамов, Клёсов 2008a: 631-645; 2008b: 855-905; 2009a: 81-92; 2009b: 93-103; 2009c: 422-442).

ЧАСТЬ III. ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ И ДРЕВНЯЯ ИСТОРИЯ

Данный раздел содержит описание древней истории человечества, реконструированной на основе рассмотрения родового состава различных народов, современных знаний об ископаемой ДНК и расчетных датировок образования тех или иных субкладов. Для ответа на вопрос, насколько такое рассмотрение вообще является правомерным и применимым в современной науке, приведем отрывок из аннотации к статье В.Н. Харькова, опубликованной в журнале «Генетика» за 2021 год: «Y-хромосома является уникальным инструментом для изучения структуры генофондов и эволюционной истории популяций человека. Патрилинейность обеспечивает последовательное накопление мутаций, в результате чего Y-хромосома представляет собой достаточно простую маркерную систему для реконструкции эволюционных изменений, миграционных и других демографических процессов в популяциях человека. Анализ гаплогрупп Y-хромосомы может быть эффективно применен как для описания генетико-демографической истории различных популяций, так и для масштабных филогенетических и филогеографических исследований отдельных монофилиетических линий разного иерархического уровня. Обнаружение все новых популяционно-специфичных ДНК-маркеров этой части генома человека позволяет очень подробно анализировать популяционную, субэтническую и родовую

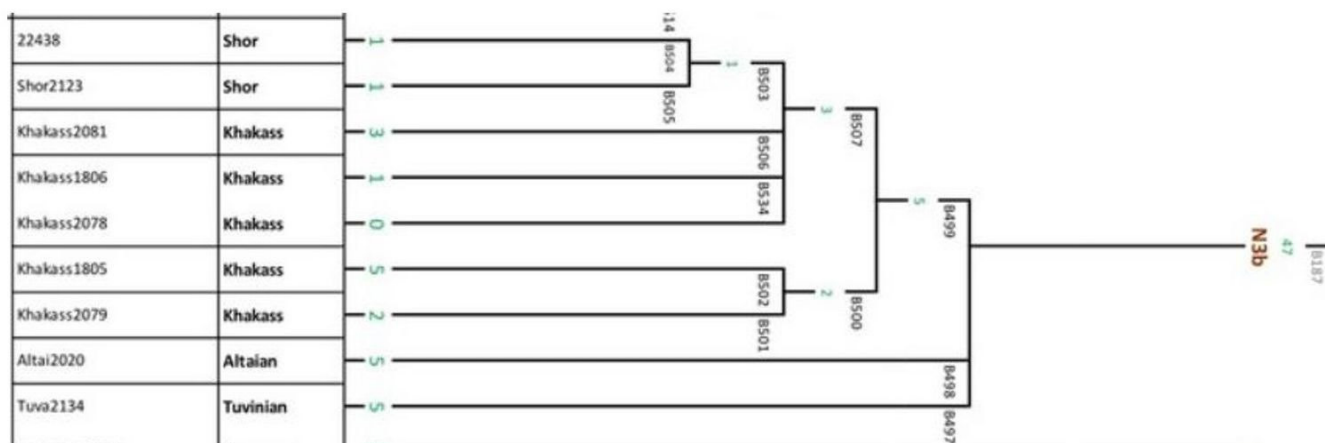


Рис. 2. Фрагмент схемы, содержащей субклад В499 (Ilumäe A.-M. et al. 2016)

структуру различных этносов на протяжении всех периодов ее формирования. Определение аллельного профиля образцов мужчин в работах по палеогенетике особенно важно для реконструкции миграций, компонентного состава, преемственности генетического наследия древних популяций и уточнения филогении различных сублиний» (Харьков 2021).

Этот пример наглядно показывает, что в научной литературе не отвергается возможность изучения народов, народностей и иных популяций человека при помощи анализа гаплогрупп Y-хромосомы. Однако существенное и принципиальное отличие ДНК-генеалогии от популяционной генетики заключается в том, что Клёсов активно применяет комплексные расчеты датировок популяций на основе гаплотипов и снипов (SNP-мутаций), в то время как в популяционной генетике очень осторожно начинают использовать датировки, полученные коллективом YFull (в который входит один из соавторов Клёсова по разработке фундаментальных основ ДНК-генеалогии). Впрочем, генетики рассматривают собственные приоритеты в исследованиях, отличные от задач ДНК-генеалогии: «Главная задача генетики популяций заключается в анализе дискретной мутационной изменчивости. Каким образом формируется и поддерживается эта изменчивость в популяции? Каковы закономерности её наследования на популяционном уровне?» (Кайданов 1996).

ЧАСТЬ IV. РОДОВАЯ СТРУКТУРА (ОСНОВНЫЕ ГАПЛОГРУППЫ) 190 НАРОДОВ РОССИИ В ПОРЯДКЕ ИХ ЧИСЛЕННОСТИ

С точки зрения восприятия, это одна из самых сложных частей. На читателя обрушивается бесчисленное количество аббревиатур и индексов, соответствующих названиям субкладов. Здесь хотелось бы отдать должное автору, он приложил массу усилий, чтобы представить эту информацию в максимально удобном виде. Приведем конкретный пример: «подветви гаплогруппы R1a... восточно-карпатский (субклад – Е.П.) (Z280-CTS1211-CTS3402-Y33-CTS8816-Y2902), центрально-евра-

зийский (Z280-CTS1211-YP997), балто-карпатский (Z280-CTS1211-Y35-CTS3402-YP237-YP582-YP578)...».

При таком представлении информации даже не подготовленный читатель способен понять, что перечисленные ветви (субклады) имеют общее происхождение, у них снипы Z280 и CTS1211 общие и только потом родовые линии начинают расходиться. Все перечисленные субклады легко можно найти в международных базах данных, таких как YFull и ISOGG.

Чтобы понять, насколько это удачное решение, стоит рассмотреть противоположный пример. Для этого обратимся к работе Харькова, посвященной генофонду хакасов и шорцев, где рассматривается субклад N1a1a2-B499, не приведенный ни в одном общедоступном каталоге (YFull и ISOGG) (Харьков и др. 2020). Идентификация родовой линии и позиционирование её на общем филогенетическом древе гаплогруппы N в данном случае затруднительна.

На то же указывает и Клёсов в главе, посвященной хакасам: «В статье (Харьков, 2020) отмечено, что в сеоках хый и хобый численно преобладает нижестоящий вариант гаплогруппы N1a1, который авторы обозначили как N1a1a2-B499, но в наиболее употребительных современных классификациях такого снипа нет, как нет и субклада N1a1a2».

Некоторое время назад нам приходилось заниматься изучением гаплотипа носителей пазырыкской культуры из могильника Ак-Алаха-1 (Горный Алтай) который относился к гаплогруппе N (Пайор 2019), а также готовить ДНК-генеалогическое исследование двух хакасов, относящихся к гаплогруппе N (Нилогов, Пайор 2020), а потому подробное знание филогенетической структуры гаплогруппы N у хакасов при работе с материалом могло оказаться решающим. Чтобы понять о какой ветви идет речь, когда авторы пишут про субклад N1a1a2-B499, необходимо обратиться к международному исследованию 2016 года (Ilumäe A.-M. et al. 2016). К сожалению, в основном тексте статьи данную аббревиатуру найти не удастся, она будет упомянута единожды в Приложении на рисунке 2.

Согласно приведенной схеме субклад В499 оказался дочерним по отношению к В187. Последний уже обнаруживается в номенклатуре YFull. Данное расследование было бы излишним, если бы в статье Харькова была указана последовательность N-Z4762-L729-Z1956-TAT-F1419-Y24317-B187-B499 или в более компактном исполнении N-B187-B499. Хотелось выразить надежду, что в дальнейшем указание промежуточных звеньев, присутствующих в общедоступных международных классификаторах, станет правилом хорошего тона как в ДНК-генеалогии, так и в популяционной генетике.

Благодаря доступному представлению специфической информации Клёсову удастся наглядно продемонстрировать даже весьма сложные родовые структуры. Одним из наиболее разработанных в филогенетическом плане являются еврейские ДНК-линии. При рассмотрении ашкеназийских ДНК-линий в славянских «супер-ветвях» (Меркулов, Пайор 2021) была проанализирована семьдесят одна еврейская Y-ДНК линия, представленная на территории расселения славян. Если оказывалось возможным, то для линий поставлены в соответствие субклады. На основе гаплотипов были рассчитаны датировки, которые в большинстве случаев

пересекаются с датировками, полученными на основе снипов исследовательским коллективом YFull. С одной стороны, это показывает разнообразие родовых линий у евреев, с другой – в очередной раз подтверждает сходимость расчетов на основе гаплотипов и на основе снипов.

Глава «Евреи» в обсуждаемой книге посвящена детальному рассмотрению 11 гаплогрупп, для ветвей приводятся датировки, и с их учетом обсуждаются известные концепции «расселения евреев», распространённые и порой уже «закостеневшие» положения.

Не имеет смысла перечислять здесь все 190 народов, родовые структуры которых разобраны в книге «Народы России. ДНК-генеалогия», по каждому из них автор предоставил достаточный комплекс информации, способной заинтересовать как стороннего читателя, так и профессионала, работающего на стыке наук. По сути, перед нами первая энциклопедия по ДНК-генеалогии народов России, которую могут использовать как профессиональные специалисты, так и любители. Книга рекомендуется историкам, археологам, этнологом, культурологам и учёным из смежных дисциплин.

ЛИТЕРАТУРА

- Адамов, Клёсов 2008а - Адамов Д.С., Клёсов А.А. Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2008. № 4. С. 631-645.
- Адамов, Клёсов 2008b - Адамов Д.С., Клёсов А.А. Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2008. № 5. С. 855-905.
- Адамов, Клёсов 2009а - Адамов Д.С., Клёсов А.А. Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Теоретический подход // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2009. № 1. С. 81-92.
- Адамов, Клёсов 2009b - Адамов Д.С., Клёсов А.А. Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2009. № 1. С. 93-103.
- Адамов, Клёсов 2009с - Адамов Д.С., Клёсов А.А. Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы // Вестник Академии ДНК-генеалогии. 2009. № 3. С. 422-442.
- Кайданов 1996 - Кайданов Л.З. Генетика популяций. М.: Высшая школа, 1996. 320 с.
- Клёсов 2021 - Клёсов А.А. Народы России. ДНК-генеалогия. СПб.: Питер, 2021. 784 с.
- Меркулов и др. 2020 - Меркулов В.И., Пайор Е.В., Рожанский И.Л., Хохряков В.Р. Кривичи: первое ДНК-генеалогическое исследование // Исторический формат. 2020. № 2. С. 8-16.
- Меркулов, Пайор 2021 - Меркулов В.И., Пайор Е.В. Ашкеназийские ДНК-линии в славянских «супер-ветвях» // Исторический формат. 2021. № 1. С. 18-27.
- Нилогов, Пайор 2020 - Нилогов А.С., Пайор Е.В. Происхождение хакасского рода Майнагашевых: устные предания и ДНК-генеалогические данные // Исторический формат. 2020. № 3. С. 8-17.
- Пайор 2019 - Пайор Е.В. Реплика по поводу статьи: Пилипенко А.С., Трапезов Р.О., Полосьмак Н.В. Палеогенетическое исследование носителей пазырыкской культуры из могильника Ак-Алаха-1 (Горный Алтай) (Археология, этнография и антропология Евразии. 2015. № 4. С. 144-150) // Исторический формат. 2019. № 3-4. С. 99-102.
- Харьков 2021 - Харьков В.Н. Маркеры Y-хромосомы в популяционной генетике: фундаментальные и прикладные результаты этногеномных исследований // Генетика. 2021. Т. 57. № 9. С. 981-994.
- Харьков и др. 2020 - Харьков В.Н., Новикова Л.М., Штыгашева О.В., Лузина Ф.А., Хитринская И.Ю., Волков В.Г., Степанов В.А. Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // Генетика. 2020. Т. 56. № 7. С. 826-833.
- Ilumäe A.-M. et al. 2016 - Ilumäe A.-M., Reidla M., Chukhryaeva M. et al. Human Y-chromosome haplogroup N: a non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families // American Journal of Human Genetics. 2016. V. 99. S. 163-173.
- López Herráez et al. 2009 - López Herráez D., Bauchet M., Tang K., Theunert C., Pugach I., Li J. et al. Genetic Variation and Recent Positive Selection in Worldwide Human Populations: Evidence from Nearly 1 Million SNPs. // PLoS ONE. 2009. 4 (11). e7888.

REFERENCES

- Adamov, Klyosov 2008a - Adamov D.S., Klyosov A.A. Teoreticheskaya i prakticheskaya ocenka vozvratnykh mutacij v gaplotipah Y-hromosomy [Theoretical and practical evaluation of recurrent mutations in Y-chromosome haplotypes], in: Vestnik Akademii DNK-genealogii [Bulletin of the Academy of DNA Genealogy], 2008, № 4, pp. 631-645 [in Russian].
- Adamov, Klyosov 2008b - Adamov D.S., Klyosov A.A. Opredelenie vozrasta populyacij po Y-hromosome metodami srednih kvadraticnykh otklonenij [Determination of the age of populations on the Y-chromosome by the methods of mean square deviations], in: Vestnik Akademii DNK-genealogii [Bulletin of the Academy of DNA Genealogy], 2008, № 5, pp. 855-905 [in Russian].
- Adamov, Klyosov 2009a - Adamov D.S., Klyosov A.A. Opredelenie vozrasta populyacij po STR gaplotipam Y-hromosomy. CHast' I. Teoreticheskij podhod [Determination of the age of populations by STR haplotypes of the Y chromosome. Part I. Theoretical approach], in: Vestnik Akademii DNK-genealogii [Bulletin of the Academy of DNA Genealogy], 2009, № 1, pp. 81-92 [in Russian].
- Adamov, Klyosov 2009b - Adamov D.S., Klyosov A.A. Opredelenie vozrasta populyacij po STR gaplotipam Y-hromosomy. CHast' II. Pogreshnosti raschetov [Determination of the age of populations by STR haplotypes of the Y chromosome. Part II. Calculation errors], in: Vestnik Akademii DNK-genealogii [Bulletin of the Academy of DNA Genealogy], 2009, № 1, pp. 93-103 [in Russian].
- Adamov, Klyosov 2009c - Adamov D.S., Klyosov A.A. Prakticheskie metody opredelenie vozrasta bol'shix vyborok STR gaplotipov Y-hromosomy [Practical methods for determining the age of large samples of STR haplotypes of the Y chromosome], in: Vestnik Akademii DNK-genealogii [Bulletin of the Academy of DNA Genealogy], 2009, № 3, pp. 422-442 [in Russian].
- Har'kov 2021 - Har'kov V.N. Markery Y-hromosomy v populyacionnoj genetike: fundamental'nye i prikladnye rezul'taty etnogenomnykh issledovanij [Y-chromosome markers in population genetics: fundamental and applied results of ethnogenomic studies], in: Genetika [Genetics], 2021, Vol. 57, № 9, pp. 981-994 [in Russian].
- Har'kov i dr. 2020 - Har'kov V.N., Novikova L.M., SHtygasheva O.V., Luzina F.A., Hitrinskaya I.YU., Volkov V.G., Stepanov V.A. Genofond hakasov i shorcev po markeram Y-hromosomy: obshchie komponenty i geneticheskaya struktura rodov [The gene pool of Khakas and Shors by Y-chromosome markers: common components and genetic structure of genera], in: Genetika [Genetics], 2020, Vol. 56, № 7, pp. 826-833 [in Russian].
- Ilumäe A.-M. et al. 2016 - Ilumäe A.-M., Reidla M., Chukhryaeva M. et al. Human Y-chromosome haplogroup N: a non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families, in: American Journal of Human Genetics, 2016, V. 99, pp. 163-173 [in English].
- Kajdanov 1996 - Kajdanov L.Z. Genetika populyacij [Population genetics], Moscow, Vysshaya shkola Publ., 1996, 320 p. [in Russian].
- Klyosov 2021 - Klyosov A.A. Narody Rossii. DNK-genealogiya [The peoples of Russia. DNA genealogy], Saint-Petersburg, Piter Publ., 2021, 784 p. [in Russian].
- López Herráez et al. 2009 - López Herráez D., Bauchet M., Tang K., Theunert C., Pugach I., Li J. et al. Genetic Variation and Recent Positive Selection in Worldwide Human Populations: Evidence from Nearly 1 Million SNPs., in: PLoS ONE, 2009, 4 (11), e7888 [in English].
- Merkulov i dr. 2020 - Merkulov V.I., Pajor E.V., Rozhanskij I.L., Hohryakov V.R. Krivichi: pervoe DNK- genealogicheskoe issledovanie [Krivichi: the first DNA genealogical study], in: Istoricheskij format [Historical format], 2020, № 2, pp. 8-16 [in Russian].
- Merkulov, Pajor 2021 - Merkulov V.I., Pajor E.V. Ashkenazijskie DNK-linii v slavyanskix «super-vetvyah» [Ashkenazi DNA lines in Slavic "super-branches"], in: Istoricheskij format [Historical format], 2021, № 1, pp. 18-27 [in Russian].
- Nilogov, Pajor 2020 - Nilogov A.S., Pajor E.V. Proiskhozhdenie hakasskogo roda Majnagashevyyh: ustnye predaniya i DNK-genealogicheskie dannye [The origin of the Khakass Mainagashev family: oral traditions and DNA genealogical data], in: Istoricheskij format [Historical format], 2020, № 3, pp. 8-17 [in Russian].
- Pajor 2019 - Pajor E.V. Replika po povodu stat'i: Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Polos'mak N.V. Paleogeneticheskoe issledovanie nositelej pazyrykskoj kul'tury iz mogil'nika Ak-Alaha-1 (Gornyj Altaj) (Arheologiya, etnografiya i antropologiya Evrazii. 2015. № 4. S. 144-150) [Remark about the article: Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Polosmak N.V. Paleogenetic study of the carriers of the Pazyryk culture from the Ak-Alakha-1 burial ground (Gorny Altai) (Archeology, Ethnography and Anthropology of Eurasia. 2015. No. 4. pp. 144-150)], in: Istoricheskij format [Historical format], 2019, № 3-4, pp. 99-102 [in Russian].

Пайор Евгений Викторович

– Академия ДНК-генеалогии (Ярославль, Россия).

Evgeny Payor

– Academy of DNA Genealogy (Yaroslavl, Russia).

info@dna-academy.ru