Анатолий Алексеевич Клёсов
Кому мешает ДНК-генеалогия?

ДНК-генеалогия –



Текст предоставлен правообладателем
http://www.litres.ru/pages/biblio_book/?art=22071753
«Кому мешает ДНК-генеалогия? Ложь, инсинуации, и русофобия в современной российской науке. / Клёсов А.А.»: Книжный мир; Москва; 2016
ISBN 978-5-8041-0842-8

Аннотация

ДНК-генеалогия – новая научная дисциплина, которая появилась около десяти лет назад и связала картину мутаций в ДНК человека с происхождением самого человека, временами и направлениями древних и не столь древних миграций, историческими событиями, которые оставили след в ДНК потомков.

Эта книга для тех, кто хочет разобраться в базовых понятиях ДНК-генеалогии. Но вместо того, чтобы объяснять «гладким текстом», как в учебниках, автор объясняет эти понятия на конкретных примерах заблуждений и путем ответов на вопросы. Восприятие так происходит значительно лучше. Заинтересованный читатель должен также представлять, кто и как умышленно перекореживает, фальсифицирует, передергивает вполне ясные положения ДНК-генеалогии и ее выводы.

ДНК-генеалогия вовсе не подменяет собой исторические науки, и такой задачи не ставит. Она выявляет новые данные, которые ранее не были известны. Таким образом, ДНК-генеалогия вместе с историками, археологами, лингвистами, этнологами воссоздает более правильную картину древнего мира. В итоге жанр книги оказался необычным. Это и учебник ДНК-генеалогии, и серия иллюстраций о достижениях ДНК-генеалогии, о ее открытиях и находках за последние годы, и срывание масок с лжецов и провокаторов, которым ДНК-генеалогия откровенно мешает.

Анатолий Клёсов
Кому мешает ДНК-генеалогия? Ложь, инсинуации, и русофобия в современной российской науке

Вот почему жалки они; ибо тогда как другие восхищали и усвояли себе блага, им ниспосланные, сами они отвергли их.
(Иоанн Златоуст, 386 год.)

Предисловие

Слова «ДНК-генеалогия» вызывают массу комментариев в сетевых дискуссиях, в прозе и даже в современной поэзии[1]*(должен сказать, что это «поэтическое приношение» по указанной ссылке принять никак не могу).* Многие читатели относятся к новой науке приветственно, порой даже восторженно, но далеко не все отчетливо понимают ее основные положения. Огорчительно видеть комментарии, в которых так напутано, выводы настолько несуразные, наивные, искаженные, что могут скорее отвратить людей заинтересованных, чем привлечь их внимание. ДНК-генеалогию часто путают с генетикой, гаплотипы и гаплогруппы называют «генами», мутации в гаплотипах относят за счет «радиоактивного излучения», чего нет и быть не может. Некоторые не могут понять, в чем ДНК-генеалогия отличается от популяционной генетики, хотя там различия совершенно принципиальные, это разные науки, с разными методологиями. Поэтому первая часть этой книги – для тех, кто хочет разобраться в базовых понятиях ДНК-генеалогии. Но вместо того, чтобы объяснять «гладким текстом», как в учебниках, автор объясняет эти понятия на конкретных примерах заблуждений, и путем ответов на вопросы. Восприятие так происходит значительно лучше. Задача этого раздела очевидна – те, кто разобрались даже относительно поверхностно, уже смогут увидеть, где явная путаница и непонимание простейших вопросов ДНК-генеалогии.

Другая группа искажений в сетевых описаниях и дискуссиях – это злонамеренные искажения. По каким-то причинам, автору не очень понятным, определенная категория людей получает удовольствие от того, что умышленно перекореживает, фальсифицирует, передергивает вполне ясные положения ДНК-генеалогии и ее выводы. Таким людям помочь уже ничего не может, это определенный вид ментальной ущербности, и разъяснять им что-либо бесполезно. Но объяснить это заинтересованным читателям нужно, и даже необходимо, как и то, зачем это ущербные делают. У них, как правило, есть свои интересы, и порой их занятно разгадывать.

Еще одна группа непонятливых – это, как ни странно, многие профессиональные историки, археологи, лингвисты, популяционные генетики и просто генетики. У них, как правило, работает шаблонное мышление, довлеют весьма примитивные, «накатанные» представления. Они не могут на шаг отступить от своих профессиональных догм, они привыкли думать только в рамках уже известного. У них отсутствует гибкость ума, обязательная для настоящего ученого. Часто ими владеет профессиональная ревность, типа – как это так, я, историк (археолог, лингвист, генетик), не мог додуматься до такой-то версии, гипотезы, концепции, а тот, кто работает «на стыке наук», в моих понятиях – чужак, мне ее предъявляет. Не бывать этому! И вот такой историк-археолог-лингвист-генетик упрямо отрицает очевидные вещи, не желая признать, что неправ. В худшем случае он переходит в атаку, не гнушаясь откровенным очернением оппонента, не видя или не желая замечать, что это порой принимает уродливые формы. Характерные примеры тому – профессор Л. Клейн, Е. Балановская, О. Балановский, С. Боринская, А. Касьян и их тесный кружок, чему будет уделено место в настоящей книге. Этот небольшой кружок генерирует массированные фальсификации, рассылает лживые статьи в разные издания, раздувает «мою» страничку в Википедии (хотя не я ее писал и не мне её править) до уже несуразных размеров, где фактов уже почти не осталось – она вся заполнена измышлениями и инсинуациями, причем ссылки и прочие отнесения идут к цитатам и выступлениям членов того же кружка, как правило,

[1] http://www.smolensk.ru/user/sgma/MMORPH/N-44-html/tukembaev/tukembaev.htm

выставленным в сети. В Википедии эти циклические лживые отнесения называются «авторитетный источник».

Как неоднократно подчеркивается в этой книге (и во многих моих статьях), ДНК-генеалогия вовсе не подменяет собой исторические науки, и такой задачи не ставит. ДНК-генеалогия показывает историкам и археологам новые направления и варианты интерпретации зачастую разрозненных данных, которые ранее интерпретировали по-другому. ДНК-генеалогия выявляет новые данные об истории древнего мира, которые ранее не были известны. Таким образом, ДНК-генеалогия вместе с историками, лингвистами, этнологами воссоздает более правильную картину древнего мира.

Некоторая проблема в том, что парадигмы ДНК-генеалогии и истории несколько различаются, что неудивительно – разные науки и направления наук различаются методологиями, поскольку именно методологии получения данных и их интерпретации фактически формируют науки. Соответственно, различаются и парадигмы, то есть совокупности терминов, представлений, установок, характера описаний предметов и явлений в научных статьях и книгах. Парадигмы вырабатываются поколениями исследователей, и по характеру описаний, например, в научной или популярной статье, специалист сразу видит, написана она человеком «со стороны», или принадлежит к привычной специалисту парадигме. Если «со стороны», то вызывает реакцию от недоверия до полного отторжения. Это – совершенно распространенное явление в науке, и оттого такая трудность работы на стыке наук и восприятия результатов и интерпретаций специалистов с обеих сторон. Причем чем более закостенелы специалисты, чем меньше гибкость их мышления и восприимчивость к новым идеям и положениям, тем более выражена негативная реакция, вплоть до полного отторжения «чужаков» с их концепциями. При этом концепции зачастую и не рассматриваются, достаточно того, что их воспринимают как нечто чуждое, не вписывающееся в привычную парадигму.

Это в значительной степени и явилось причиной резкого негативного отношения небольшой, но крикливой группы специалистов в истории, антропологии, лингвистике, этнологии к ДНК-генеалогии и к ее творцам. При этом сама ДНК-генеалогия даже не расматривалась, ни ее расчетный аппарат, ни интерпретации или выводы. Реакцию можно выразить коротко – «нэ трэба». Но так написать в коллективном письме было недостаточно, надо было дать «субстанцию», которой опять же не было, для этого надо было разобраться в методологии ДНК-генеалогии и в ее результатах и выводах, а на это у авторов письма не было ни сил, ни желания. Поэтому все пошло по накатанной схеме пасквильных писем не столь далекого прошлого – несколько «активистов» подготовили текст, в котором надергали несколько «неправильных» терминов, забыв о том, что они относятся к парадигме ДНК-генеалогии, а не к их парадигмам, остальное исказили, придумали, солгали, а остальные «попутчики», которые вообще не имели понятия о ДНК-генеалогии, подписали. Это, конечно, позорное явление в науке.

Например, к упомянутому крестовому походу против ДНК-генеалогии присоединились несколько антропологов. Это – А. Бужилова, С. Дробышевский, А. Соколов, Н. Дубова, М. Герасимова, Е. Година, А. Козинцев, Д. Пежемский, И. Перевозчиков, В. Хартанович, Ю. Чистов, В. Кашибадзе. В этой книге будут рассказано, чем их не устраивает ДНК-генеалогия. Иногда ответ будет совершенно банальным – например, В. Кашибадзе, специалист по одонтологии, то есть зубочелюстным вопросам, обиделась, что ДНК-генеалогия показала, что она, Кашибадзе, активно занималась подтасовками и манипуляциями в поисках «аланских предков» современных кавказцев. Об этом тоже будет рассказано в этой книге, с примерами и иллюстрациями.

В данной книге разбирать всю эту ложь смысла не имеет. Но некоторые примеры будут представлены, просто, чтобы показать «технологию лжи» в данном конкретном случае. Читателей эта «технология», конечно, не удивит, все помнят часто цитируемые слова Геббельса «Чтобы в ложь поверили, она должна быть чудовищной». На самом деле Геббельс, как специалист по лжи, дал своему тезису более глубокое обоснование: «*Чем*

чудовищнее солжёшь, тем скорее тебе поверят. Рядовые люди скорее верят большой лжи, чем маленькой. Это соответствует их примитивной душе. Они знают, что в малом они и сами способны солгать, ну, а уж очень сильно солгать они постесняются. Большая ложь даже просто не придёт им в голову. Вот почему масса не может себе представить, чтобы и другие были способны на слишком уж чудовищную ложь. И даже когда им разъяснят, что дело идёт о лжи чудовищных размеров, они все ещё будут продолжать сомневаться и склонны будут считать, что, вероятно, всё таки здесь есть доля истины…»

И вот показательный пример. Некто В.П. Лебедев, который представляется «журналистом», видимо, потому, что уже 20 лет выпускает интернетовский сайт «Лебедь» в Бостоне, США, а до того, в СССР, преподавал философию в одном из московских вузов, до Геббельса, конечно, не дотягивает, но старается. Правда, «чудовищной» лжи про меня все равно не получится, именно потому, что Лебедев не дотягивает. Но старается. Вот, что он пишет в недавней дискуссии на сайте «Троицкий вариант»:

> *Когда Клесов был в CEO двух компаний его иногда приглашали на корпоративы. Привозили на личных самолетах куда-нибудь в горы на Западное побережье. Там поместья, куда никак нельзя приехать: даже мосты через горные реки и ущелья снесены. Только воздухом и только «свои». Одним словом, мультимиллионеры и миллиардеры.*

Дискуссия, правда, была про ДНК-генеалогию, но Лебедев в ней ничего не понимает. А сказать ему что-то хотелось, причем негативное. Так Лебедев устроен. Поэтому он очень хотел придумать «чудовищную ложь», так, чтобы все в ужасе отшатнулись. А получилось смешно. Во-первых, CEO (это английское сокращение, Chief Executive Officer, в русском языке аналога, наверное, нет, в общем, верховный руководитель) я никогда не был, ни в одной компании, ни в двух сразу, да и не моё это. Я всегда наукой занимался, поэтому мое место в компаниях было вице-президент по исследованиям и разработкам. Но дело даже не в этом, а в том, что «корпоративов» в США нет, во всяком случае я об этом за 25 лет никогда не слышал, да еще чтобы летать куда-то в горы и неприступные поместья хоть на какое побережье. Лебедев в какой-то экзальтации придумал, видимо, свою заветную мечту, и приписал ее мне. Короче, кроме как бредом это назвать трудно. Но для Лебедева это часть технологии лжи. Ни дня ни работав в США за все свои 25 лет жизни там, живя исключительно на социальные пособия и влача по сути нищенский образ жизни, он ненавидит людей состоятельных, и, видимо, полагает, что, представив меня этаким богачом, он вызовет такую же ненависть у читателей. Это – задача, которую он перед собой ставит.

Еще подобный (по сути) пример. В той же дискуссии на «Троицком» Лебедев пишет, про меня, разумеется:

> *… в ноябре 2008 г... звонит и говорит восторженным голосом: Знаешь, я получил несколько писем от двух женщин из России. Они пишут, что являются внучками чудом уцелевшей великой княжны Анастасии. Я попросил прислать их соскобы. Отослал в FamilyTreeDNA. По личным каналам получил их ДНК. Бегло просчитал гаплогруппы, мутации. Точно – все совпадет с романовскими. О! Они же наследницы колоссального состояния!*

Задача та же – представить меня неким стяжателем. Причем здесь, казалось бы, ДНК-генеалогия, о которой была дискусссия? Нет, не при чем. Но это для него неважно, важно – составить некий негативный образ. Лебедев так устроен. Но получилось тоже смешно. Сюжет он взял из моего рассказа «Умереть за княжну», который опубликован в книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (Изд. Московского университета, 2010, стр. 379–385). Только там всё наоборот – ДНК претенденток не совпала с ДНК Анастасии. Вот и цитата из рассказа: «*Ответ* (из ДНК-тестирующей компании) *мне пришел через обещанные три дня. Мое послание в Белоруссию: «Должен вас разочаровать – мтДНК Вашего отца не*

совпадает с мтДНК Анастасии. Это означает, что она не его мать».

Зачем Лебедеву надо было лгать? Ведь рассказ мой опубликован и широко известен. Ну как зачем? Обычная технология лжи, чем больше, тем лучше. Может, кто рассказ и не читал.

И вот так у Лебедева всё, ложь громоздится на лжи. И что якобы на меня заведены судебные дела в США в отношении моих якобы «финансовых махинаций», причем он приводит и номера судебных дел и имена юридических компаний, которые якобы мной занимаются… Тоже смешно. Только это не про меня. Технология лжи по Геббельсу.

И знаете, самое интересное – что недавно В. Лебедев был введен в состав Комиссии Президиума РАН по борьбе с лженаукой. Представляете? Патологический лжец – и он же официальный «борец за правду». Первое же дело в составе Комиссии для Лебедева – он написал текст для профессора Клейна – как Клейн выразился, «составил для меня нарезки», и Клейн под своим именем опубликовал это в недавнем (2015) сборнике Комиссии по борьбе с лженаукой. И там же у Клейна – и про якобы мои судебные дела… Ну, не подлость от Клейна? Правда, в предисловии к статье Клейн несколько дистанцировался от Лебедева, наверное, понимал, что это противно, написав про «нарезки» Лебедева, но под статьей подписался. Туда вошло и то, что выше. Так Комиссия и Клейн с Лебедевым нынче «борются с лженаукой». Технология лжи.

Возвращаемся к тем, кому еще мешает ДНК-генеалогия. Это – очередная группа профессиональных деятелей науки – те, концепции которых не выдержали испытанием ДНК-генеалогией. Как пример можно привести приверженцев «норманской теории», согласно которой некие «скандинавы» стояли у истоков русской государственности. По их представлениям, древние славяне были ленивы и бестолковы, да, впрочем, и остаются такими и в наше время. Они не были способны ни к ремеслам, ни к делам военным, ни к управлению городами, княжествами, государством, и всем этим занимались «скандинавы». «Скандинавов» на Руси по их представлениям было видимо-невидимо, и это число росло вместе с развитием и укреплением норманизма – от начальных нескольких тысяч человек, потом десяти тысяч, потом пятидесяти тысяч, и это число в работах того же Л. Клейна выросло до полумиллиона человек, если пересчитать его цифры в масштабах Руси (цит. по статье профессора В.В. Фомина «Клейн как диагноз»). Но ДНК-генеалогия в один ход показала, что потомков скандинавов практически нет ни в России, ни на Украине, ни в Белоруссии, ни в Литве. Дело в том, что у скандинавов есть характерные метки в Y-хромосомах, так называемый «скандинавский субклад R1a-Z284», и эти метки «толпятся» в Швеции, Норвегии, Дании, Англии, Ирландии, Шотландии, а вот в наших славянских странах их нет. Не ходили скандинавы на восток, только разве что военными экспедициями, типа печально известного сражения Карла XII под Полтавой, или сидением в военных крепостях на севере Руси. Но потомков они там, видимо, не оставили, а если и оставили, то во всяком случае ниже статистически детектируемого минимума. Не скандинавы были ремесленниками и военными в древней Руси, а местные, свои, славяне. Возможно, повоевавшие в Европе, и возвратившиеся с боевым опытом.

Но норманистов это явно не устраивает, они страстно хотят, чтобы это были скандинавы. Ну, не любят они славян, русских. Если называть вещи своими именами, то русофобы они. И вот их ДНК-генеалогия просто бесит. Потому что всех остальных они могут переговорить и перекричать, а вот с ДНК-генеалогией не получается, там данные наглядные и неопровержимые. Вот и пошли норманисты крестовым походом на ДНК-генеалогию. Среди них – Л. Клейн, В. Волков, О. Губарев, Е. Пчелов и другие. Примеры – в этой книге. Пошли крестовым походом и некоторые лингвисты, которые всю жизнь ищут прародину индоевропейцев, а ДНК-генеалогия ясно показывает, что такой прародины нет и быть не может, и все «прародины», что предлагались за последние 150 лет – на самом деле просто транзитные пункты долгой миграции носителей индоевропейских (ИЕ) языков через Анатолию, Балканы, понтийские степи, Иран, Индию, Месопотамию… Как написал автору этой книги один лингвист – «Получается, что я всю жизнь потратил зря на поиски

прародины ИЕ языков? И хотите, чтобы я с этим согласился? Никогда не соглашусь». Ясно, что он пополнил собой состав недругов ДНК-генеалогии. Еще лингвисты, которые присоединились к крестовому походу против ДНК-генеалогии – А. Дыбо и А. Касьян. В этой книге будет проведено рассмотрение их некоторых работ, и высказано предположение, чем этих авторов не устраивает ДНК-генеалогия, вплоть до коллективного подписания лживого доноса, чего в научной жизни на постсоветском пространстве, видимо, вообще не было. Вот они позорно и отметились.

Еще недруги ДНК-генеалогии – ряд российских популяционных генетиков и генетиков. Они недовольны, что ДНК-генеалогия тут же вскрыла их примитивные и в корне неверные методы расчетов «времен жизни общих предков», которыми они заполняли академические издания на протяжении многих лет, а поскольку их никто не проверял, статьи они сами свои рецензировали, а здесь – вот такая незадача. ДНК-генеалогия показала, что десятки их публикаций – по сути дела мусор, не имеющий никакого научного значения. Это в первую очередь мать и сын Е. и О. Балановские. Они не просто пошли крестовым походом на ДНК-генеалогию, а возглавили этот поход, вместе с Л. Клейном. Об этом тоже будет немало в этой книге. В их крестовом походе – также генетики С. Боринская, Л. Епископосян, О. Курбатова, Е. Тетушкин, а также начинающие попгенетики, с квалификацией ниже среднего – это Веренич и Запорожченко. Их безграмотность зашкаливает, и об этом мы тоже поговорим. Да и цитируемость их научных статей либо отсутствует, либо ниже среднего кандидата наук. Об этом мы в этой книге тоже поговорим. Недопустимо, когда упомянутые посредственности собираются в кланы и пытаются диктовать свой уровень ниже среднего. В этом – драма российской современной науки, и если их не пресечь – доживем до трагедии.

Очередные недовольные ДНК-генеалогией – некоторые российские антропологи, часть которых поименована выше, которых возмутили выводы ДНК-генеалогии, что «выход современного человечества из Африки» вовсе не доказан. В этой когорте – и генетик С. Боринская. Занятно то, что сами они никакого научного вклада в «теорию выхода из Африки» не делали, они просто по-пугайски повторяют то, что прочитали у других. Но у них, людей в науке по сути посторонних, крайнее возмущение вызывают те, кто с догмами не согласны, и пытаются сами найти ответ на проблему. Эти боринские, «по сути посторонние в науке», с догмами всегда согласны, и несогласные их очень раздражают.

Это же относится и к этнологу В. Шнирельману, который активно выступал против русского патриотизма, и занял откровенно русофобскую позицию. Естественно, патриотизм был замечен в работах по ДНК-генеалогии, более того, назван научным патриотизмом – и всё, еще один недруг новой науки в лице Шнирельмана обрисовался. ДНК-генеалогия ведь по сути наука патриотичная, она описывает древние корни славян и современных русских, а Клейну и Шнирельману – это как нож по сердцу. Туда же и Н. Маркина, с лживыми статьями против ДНК-генеалогии, туда же – этнолог Ю. Юсупов и археолог Л. Яблонский. Им всем мешает ДНК-генеалогия. Об этом – тоже эта книга. Большинство из перечисленных – авторы и подписанты так называемого «письма 24-х», лживого, путаного, полного передергиваний и подтасовок. Это – новое явление в российской науке, казалось бы, уже забытое, а именно коллективные письма-пасквили из прошлого. Но, как сказал поэт – «мы поименно вспомним тех, кто поднял руку».

Для того, чтобы понять, что могло подвигнуть людей, называющих себя учеными, на подписание позорного коллективного пасквиля, что есть поступок в науке совершенно нетривиальный и недопустимый, который всегда покрывал подписантов несмываемым позором, мы и рассмотрим этот вопрос, чем им так неприемлема ДНК-генеалогия? Чем они сами занимаются, что им так мешает ДНК-генеалогия? Ответ оказался во многих случаях весьма неожиданным, интересным, поучительным.

Наконец, отдельная глава в книге посвящена находкам, которые уже успела сделать ДНК-генеалогия, дополнить, а то и изменить наши представлениях о древнем и современном мире. Таких находок уже несколько десятков, поэтому описания их будут краткими, хотя буквально каждую из них можно развернуть в отдельную книгу. Возможно, так и сделаем в

будущем.

Как сообщалось в статье «Вызываю огонь на себя»[2], автор этой книги обратился в Комиссию по борьбе с лженаукой и фальсификацией научных исследований при Президиуме РАН с настоятельным предложением провести сравнительную научную экспертизу ДНК-генеалогии и популяционной генетики – по тем вопросам, по которым была организована кампания против ДНК-генеалогии. Я предложил план экспертизы по следующим разделам:

1. По расчетному аппарату в отношении временной дистанции до общих предков популяций, что важно для хронологии древних миграций и прочих ДНК-генеалогических расчетов (включая семейные генеалогии).

2. По терминологии и понятийному аппарату ДНК-генеалогии (только не в рамках лингвистики, а в рамках именно ДНК-генеалогии как другой области науки).

3. По интерпретации результатов расчетов в отношении исторических наук.

По моему предложению, экспертиза должна была включать как опубликованные данные и интерпретации со стороны популяционной генетики и ДНК-генеалогии, так и предлагаемые с обеих сторон примеры (серии гаплотипов для интерпретаций и расчетов). При выборе опубликованных данных было предложено в первую очередь рассматривать научные статьи, и только во вторую очередь – научно-популярные.

Условие экспертизы были сформулированы следующие: в ней должны принять личное участие все, подписавшие письмо, опубликованное на сайте «Троицкий вариант». Таким образом, ожидалось получение 24 текстов Экспертизы по всем трем разделам. Со стороны ДНК-генеалогии текст экспертизы должен был представить я. Далее тексты экспертизы рассылались бы всем участникам для второго раунда – комментариев. Результаты экспертизы – тексты и комментарии участников – по моему предложению публикует академический российский журнал, выбранный и согласованный Экспертной комиссией. Если «ответы 24-х» не поступят в течение срока, определенного Экспертной комиссией (желательно не более 30 дней), избранный Комиссией академический журнал публикует мой текст экспертизы в том формате (дискуссионный, статья, письмо в редакцию), который сочтет нужным редколлегия журнала. Этим, по моему заявлению в Комиссию, будут расставлены окончательные точки над 1 в предпринятой атаке на ДНК-генеалогию, и в «легитимизации» ДНК-генеалогии в российской научной системе.

Я прекрасно понимал, что толку от Комиссии не будет. Даже тот факт, что среди членов Комиссии с недавних пор, как отмечено выше, находится «журналист» В. Лебедев, в прошлом в СССР – доцент истории, с начала 1990-х годов сидящий на социальных пособиях в США, и специализирующийся на «жареных фактах» и откровенно лживой журналистике, страстный русофоб и ненавистник всего, что происходит в России, даже одно это делает Комиссию недееспособной. Так оно и оказалось. Номера телефона Комиссии в доступных материалах РАН нет. Факс не отвечает, и письма не принимает. «Официальный сайт» Комиссии никакого телефона для связи не сообщает. Судя по сайту, ученым секретарем Комиссии является к.б.н. Бабак Елена Владимировна, но связаться с ней невозможно, ни телефона, ни электронного адреса на сайте нет. Редактор сайта А.Г. Сергеев *(algen@yandex.ru)* на запросы не отвечает. Показатель эфективности работы РАН?

В итоге, не ответив на мой запрос, Комиссия опубликовала сборник «В защиту науки», в котором поместила лживый пасквиль Л. Клейна, подготовленный, как сообщает Клейн, на основе «нарезок» В. Лебедева. О том, что они собой представляют, было упомянуто выше.

В ответ на это экспертное расследование проведу я сам, в этой книге. Помогу Комиссии. Результаты направлю Президенту РАН и ведущим членам Академии. А для читателей станет более ясно, что за «наука» популяционная генетика, кто те люди, кто подписали «коллективный донос 24-х», чем они сами в науке занимаются, и чем их не устраивает ДНК-генеалогия.

---

[2] http://pereformat.ru/2015/02/klyosov-position/

Отвечать непосредственно на их ложь – это дело пустое, тем более от них сразу же следует очередная атака – «смотрите, он оправдывается». Технология лжи у них отработана. Поэтому обстоятельно отвечать на их фальшивый «компромат», на их лживые заявления, дело совершенно лишнее, хотя его авторов – всего несколько человек, в первую очередь Клейн и Балановские, а также их ассистенты Боринская, Касьян, Лебедев, Веренич, Запорожченко. Во-первых, кому это интересно? С их стороны идет откровенная информационная война, в которой все лживые средства хороши. Я лучше отвечу новыми книгами, статьями в научных журналах, участием в кинофильмах и телепередачах. Сторонников у ДНК-генеалогии много, с открытием Академии ДНК-генеалогии в России пошла волна желающих стать членами Академии и кандидатами в члены Академии, и это говорит само за себя.

В России много раз поднимались лживые кампании против людей науки, причем, как правило, с самыми плохими последствиями для оболганных (потому что система была командной, административной), но потом обычно все восстанавливалось. Я часто получаю письма и советы в ходе сетевых дискуссий, что, мол, не обращайте внимание на ложь и фальшивый «компромат», мы же ведь не обращаем внимания… Собаки лают, а караван идет. Да, с этим можно согласиться, если бы дело касалось одного меня. В конце концов, я живу за рубежом, карьера в России меня не интересует, у меня сотни статей и десятки книг на разных языках, и никакие потоки лжи на это повлиять не могут. Но речь сейчас о продвижении новой науки, ДНК-генеалогии, для которой ложь и попытки фальшивой дискредитации могут являться некоторым тормозом. Далее, не ставить преграду на пути норманнизма и русофобии, смириться с этим – тоже ведь не может быть приемлемым, это в немалой степени предательство по отношению и к науке, и к России. На это тоже не обращать внимания? Тогда информационная война может быть проиграна, и это – плохой знак.

В итоге я решил пойти на некий компромисс – не пытаться противостоять каждому лживому высказыванию, и ограничиться всего несколькими показательными примерами разборов этих высказываний, каждый разбор сопровождая новой информацией из области ДНК-генеалогии. Иначе говоря, использовать ложь противников «от противного», объясняя положения ДНК-генеалогии под другим углом, чтобы было более доходчиво, чем гладкое изложение предмета. Особо внимание я буду уделять не лживым высказываниям «от идеологии», а малограмотным, неквалифицированным, но распространенным среди читателей заблуждениям. Например, уже лет десять я встречаю «мнения», что условия окружающей среды «должны влиять» на константы скоростей мутаций в гаплотипах, а если так, то у гаплотипов разных гаплогрупп должны быть различающиеся константы скоростей, что вообще якобы ставит под вопрос смысл расчетов в ДНК-генеалогии. Раз это всё еще многим читателям непонятно, будем считать, что это «невиное заблуждение», и объясним еще раз. И таких невинных заблуждений много. Будем продолжать разъяснять. А со злостными, агрессивными, идеологическими противниками разберусь тем, что дам в книге несколько тематических очерков о их «методах», о лжи, об отчаянных поисках компромата. Построчно разбирать не буду.

В итоге жанр книги оказался необычным. Это и учебник ДНК-генеалогии, и серия иллюстраций о достижениях ДНК-генеалогии, о ее открытиях и находках за последние годы, и срывание масок с лжецов и провокаторов, которым ДНК-генеалогия откровенно мешает. А в чем мешает – будет рассказано и показано.

А.А. Клёсов

Доктор химических наук, профессор

Лауреат Государственной премии СССР по науке и технике

Часть I
Основные принципы ДНК-генеалогии в сотне вопросов и ответов

Глава 1

Что такое ДНК-генеалогия и что такое популяционная генетика

Вопрос 1: **Когда появился термин ДНК-генеалогия?**

Насколько мне удалось найти, впервые термин был использован в 1992 году в работе японских авторов[3], но в виде «митохондриальная ДНК-генеалогия». С тех пор авторы этот термин не использовали. Когда я ввел этот термин в 2006 году в сочетании «ДНК-генеалогия» для изучения Y-хромосомы, попгенетики подняли в сети страшный шум, уверяя, что это плохое название, что его никто не использует (как ни удивительно, это обычно главный аргумент у попгенетиков, на что я обычно говорю – «добро пожаловать в науку», там много что в первый раз), и что оно никогда не приживется. Особенно усердствовали попгенетики Балановский и Запорожченко. Через несколько лет прижилось. Сейчас введение словосочетания ДНК-генеалогия в поисковую систему Google дает – на русском языке 340 тысяч результатов, на английском языке (DNA Genealogy) – около 10 миллионов результатов, в русскоязычную поисковую систему Нигма – 924 тысячи результатов.

Но попгенетики извернулись, и перешли к новой тактике. О, ДНК-генеалогия – это давно известный термин, *«словосочетание «ДНК-генеалогия» известно как минимум с 1986 года[4], см. Avise J.C., Ellis D.* Mitochondrial DNA and the Evolutionary Genetics of Higher Animals (англ.) // *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences.* – Т. 312. – № 1154. -С. 325–342. – DOI:10.1098/rstb.1986.ooii[5]».

Беда в том, что нет в указанной статье такого словосочетания. Да хоть бы и было где – ну и что? Не появлением словосочетания определяется появление новой науки. Для этого нужно неустанно работать, продвигая в науку методологию, полученные результаты, отстаивая их и соответствующие интерпретации от нападок недругов, которые всегда имеются, о них в значительной степени и эта книга. В науке всегда имеется ревность, недоброжелательство, доходящее до ненависти – и в основном от того, что «середнячки» истово охраняют свои «делянки». Я пишу «середнячки» – потому что люди, продвинутые в науке, всегда щедры на то, чтобы делиться своими достижениями, они поощряют новоприбывающих, потому что наука продвигается совместными усилиями, от этого выигрывают все. Середнячки же, люди в науке случайные, всегда секретничают там, где никаких секретов нет и быть не может, они ревнивы и часто злобны, они всегда опасаются за свое «место», потому что понимают, что слабы и способностями к творчеству не обременены. Их высшее достижение – зацепиться за публикацию, пусть в соавторстве с несколькими десятками человек, все равно в резюме пойдет, где число соавторов можно не указывать.

Так вот, не понимают середнячки, что не появлением словосочетания определяется появление новой науки. Поэт Андрей Белый написал еще в 1921 году

«Мир – рвался в опытах Кюри
Атомной, лопнувшею бомбой»

и никто не приписывает ему изобретение или создание атомной бомбы.

И дальше Википедия продолжает: *В 1990-х словосочетание «ДНК-генеалогия» (англ. DNA genealogy) часто встречается в работах молекулярных биологов.* См., напр.: *Hora1 S., Satta Y., Hayasaka K., Kondo R., Inoue T., Ishida T., Hayashi S, Takahata N.* Man’s place in

---

[3] S. Horal et al. (1992) Man's place in hominoidea revealed by mitochondrial DNA genealogy. Journal of Molecular Evolution, 35, 32–43.

[4] Клёсов, Анатолий Алексеевич, Википедия.

[5] Линк – там же.

Hominoidea revealed by mitochondrial DNA genealogy // *Journal of Molecular Evolution.* – 1992. – Т. 35. – № 1. -С. 32–43. – DOI:10.1007/BF00160258

Опять дезинформация – не только не «часто встречается», а не встречается вообще, за исключением указанной работы 1992 года, в названии которой есть словосочетание «митохондриальная ДНК-генеалогия». Надо сказать, что всего S. Hora1 опубликовал 106 научных статей, и в них слова «ДНК-генеалогия», и то «митохондриальная», встретились всего в одной, здесь процитированной. Да, еще в одной, в следующем, 1993 году, которая называлась так же, потому что частично отзывалась из-за ошибок. В статьях J.C. Avise, которых было опубликовано 182, в период с 1973 по 2014 год, слов «ДНК-генеалогия» вообще не было. Ни в одной статье. Вот так русская Википедия подрывает свою репутацию, и без того неважную.

Заключение – термин ДНК-генеалогия в том смысле, в котором сейчас используется, появился в русскоязычной сети в 2006 году, и в публикациях в 2007 году – А.А. Клёсов «Поиски пропавших колен израилевых с помощью ДНК-генеалогии»[6], А.А. Клёсов «Иосиф и его братья»[7], А.А. Клёсов «Хинди-руси бхай-бхай с точки зрения ДНК генеалогии, или откуда есть пошли славяне»[8].

Вопрос 2: **Что можно дать в качестве определения и краткого описания ДНК-генеалогии как новой науки?**

ДНК-генеалогия – одна из областей естествознания, молекулярная история. ДНК-генеалогия рассматривает закономерности наследования изменений нерекомбинантных (негенных) участков ДНК человека в ходе его эволюции на шкале времени от десятков и сотен лет до миллионов лет. Другими словами, ДНК-генеалогия изучает динамику накопления мутаций в ДНК человека, используя подходы химической и биологической кинетики, которые в свою очередь являются частью физической химии. Важнейшая особенность методологии ДНК-генеалогии – определение констант скоростей мутаций в ДНК (в первую очередь в тандемных повторяющихся последовательностях Y-хромосомы, так называемых маркерах, которых по оценкам имеется примерно 2500, а также накопления снипов, необратимых мутаций в ДНК) и приложение этих констант к расчетам хронологии древних событий – древних миграций человека, времен жизни общих предков изучаемых популяций.

Многочисленные примеры таких расчетов даны в настоящей книге.

Вопрос 3: **Вы ввели понятие «молекулярная история» как синоним «ДНК-генеалогия». Смысл понятен, но прокомментируйте, пожалуйста.**

Суть понятия молекулярной истории в том, что становится возможным следить за передвижениями древних народов не с помощью лопаты и кисточки археолога, не обмеряя черепа, не хитроумно расплетая созвучия и значения слов в живых и мертвых языках, не изучая древние фолианты в библиотеках и монастырях, а прослеживая за метками в Y-хромосомах наших ДНК. Они, эти метки, не могут «ассимилироваться», или «поглотиться» другими языками, культурами, или народами, как это происходит тысячелетиями с языками, культурами, народами в рамках понятий истории, лингвистики, этнографии, антропологии. Иначе говоря, методология новой исторической науки, «молекулярной истории», или ДНК-генеалогии, основывается на изучении молекул нуклеиновых кислот, а именно ДНК, дезоксирибонуклеиновой кислоты, в человеческих организмах, как живых, так и в древних

6 http://berkovich-zametki.com/2007/Zametki/Nomer5/Klyosov1.htm (март 2007)

7 http://lebed.com/2007/art4914.htm (март 2007)

8 http://lebed.com/2007/art5034.htm (май 2007)

костных останках. То, что еще несколько лет назад казалось каким-то развлечением, оказалось, дает истории, антропологии, археологии, лингвистике возможность проверить концепцию, рассмотреть данные под принципиально другим углом, связать воедино казалось бы разрозненные части общей картины наших знаний об окружающем мире.

Разумеется, не следует понимать буквально слова выше, как то, что отныне не нужно читать фолианты, изучать языки, и не проводить археологических раскопок. Напротив, это все приобретает еще большую значимость и ценность, поскольку усиливает выводы традиционных подходов в совокупности с выводами ДНК-генеалогии, при условии взаимного их согласования. Или, напротив, заставляет пересматривать казалось бы устоявшиеся выводы, если они входят в явное противоречие с данными ДНК-генеалогии.

Вопрос 4: **Почему такое простое и очевидное понятие, как «молекулярная история», встречает сопротивление?**

Очень просто – по инерции, из желания ничего не менять, желания сохранить статус-кво, сохранить привычную и часто коррумпированную систему рецензирования, распределения грантов. Возражают в первую очередь все те же Клейн и Балановские, они боятся изменений в привычной системе. Возражения против ДНК-генеалогии превратились уже в некую паранойю. Им, видимо, представляется, что если они хоть с чем-либо согласятся, то «проиграли». Но на их несогласия уже давно никто не обращает внимания. Вообще у людей ограниченных любое новшество вызывает резкое противодействие, просто потому что новшества их напрягают.

Это напоминает мне бурные дискуссии в 1960-х годах людей с подобной ментальностью, которые протестовали против введения термина «молекулярная биология», доказывая, что молекулярной биологии быть не может, это «редукционизм». Да и зачем, когда есть биохимия, которая занимается теми же вопросами. А, видимо, до того были протесты подобных же людей против введения понятия «биохимия», когда есть биология и есть химия, и этого достаточно. Но в 1960-х годах вопрос решался просто – выходило постановление ЦК КПСС о создании нового научного направления «молекулярная биология» и постановление Президиума АН СССР об образовании соответствующего Института в системе Академии наук СССР, директор В.А. Энгельгардт, и создании журнала под названием «Молекулярная биология», главный редактор он же. После этого дискуссия внезапно и по вполне понятным причинам прекращалась. Кто не согласен с постановлением ЦК КПСС – выходи по одному.

Сейчас времена другие, поэтому дискуссии либо идут до изнеможения участников, ничего не решая, либо новое направление устанавливает себя де факто, игнорируя мнения людей с протестной ментальностью. Этим, вторым путем и идет ДНК-генеалогия. Де юре приходит следом, как, например, официальная регистрация Академии ДНК-генеалогии в России в июле 2015 года. Затем продолжает создаваться инфраструктура Академии и нового направления – создается Лаборатория ДНК-генеалогии, идет работа над проектами Академии, продолжают выходить книги по ДНК-генеалогии, видео– и кинофильмы, и вскоре народ удивляется – а что там за дискуссия раньше была, смысл какой был?

Вопрос 5: **Что такое Академия ДНК-генеалогии? Кто в нее входит?**

Академия ДНК-генеалогии была создана в 2007 году, первоначально в США, затем ее научное представительство распространилось на Россию (Москва) и Японию (Цукуба). Она задумывалась по принципу классических академий античности – собрание единомышленников, выпускающее свое издание. С июля 2015 года Академия ДНК-генеалогии является официально зарегистрированной российской некоммерческой организацией, которая занимается развитием и популяризацией ДНК-генеалогии.

Сразу стоит оговориться, что члены Академии ДНК-гене-алогии – это не «академики». По принятой практике академик – это член Национальной Академии наук, в России – члены РАН, и ничего другого. Например, на официальном сайте Национальной Академии наук

Грузии, членом которой я являюсь, стоит уведомление, что никакая другая организация, кроме Национальной Академии наук, не имеет права использовать термин «академик». Исходя из подобного принципа, члены Академии ДНК-генеалогии – это исследователи, энтузиасты, любители, сторонники и все те, кому небезразлична ДНК-генеалогия, кто видит её важную роль для науки и общества, кто помнит и изучает историю своих предков. Но не «академики». Опыт показывает, что тем, кому интересна ДНК-генеалогия, интересны и другие области знания, и наоборот, людям, интересующимся знанием, интересна и ДНК-генеалогия.

Идея создания Академии ДНК-генеалогии пришла в 2006 году в ходе обсуждения структуры нового общества единомышленников, заинтересованных в развитии ДНК-генеалогии, и создании журнала этого общества. Было предложено назвать общество Российской Академией ДНК-генеалогии, новый журнал – Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Как водится, поднялся крик на лужайке, тут же объявились скептики, которым никогда ничего новое не нравится, в общем, пришлось их проигнорировать, и в 2007 году был создан Устав новой Академии, в июне 2008 года вышел первый выпуск Вестника Российской Академии ДНК-генеалогии. Он был на английском языке, объемом 233 страницы, и содержал две большие статьи – «Основные принципы ДНК-генеалогии. Скорости мутаций и их калибровка» и «Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии». С тех пор вышло 73 выпуска Вестника, общим объемом около 15 тысяч страниц. С января 2012 года, с появлением в составе Академии иностранцев и многих публикаций ими в Вестнике, название изменилось на Академия ДНК-генеалогии. С июля 2015 года Академия ДНК-генеалогии получила официальную регистрацию в Министерстве юстиции РФ и является российской некоммерческой организацией.

Основной целью Академии ДНК-генеалогии является развитие и популяризация ДНК-генеалогии, координация фундаментальных и прикладных научных исследований, разработка и реализация исследовательских программ и внедрение их результатов в практику смежных дисциплин (история, археология, лингвистика, антропология, этнография, документальная генеалогия). В то же время, стоят задачи ДНК-генеалогической подготовки научных кадров из смежных дисциплин, создание условий для их научного творчества в области ДНК-генеалогии, содействие международному сотрудничеству в области ДНК-генеалогии, интеграции российских ученых в мировое научное сообщество. Выход на масштабное исследование палео-ДНК, в котором последуют открытие за открытием. Задачи – широчайшие по своему масштабу и ожидаемому результату.

При этом надо понимать, что ДНК-генеалогия – это настолько разноплановая совокупность направлений наук, что она в целом охватывает все науки о человеке, в которых есть хронологическая, временная компонента. Это и эволюция человека – как же там без хронологической компоненты, и древние миграции человека, и вопросы этнообразования, и исторические науки, и языкознание, а именно динамика языков в пространстве и во времени. Например, глоттохронология (лексикостатистика) потому и имеет более чем шаткий статус в лингвистике, что она не связана с ДНК-генеалогией, с хронологией древних миграций, и ограничивается формальными расчетами при значительных допущениях и приближениях. Достаточно взглянуть на список Проектов Академии ДНК-генеалогии (см. ответ на следующий Вопрос), чтобы понять, насколько ограничена наука о человеке без знания ДНК-генеалогии – ни один из тех Проектов не решен современной наукой, причем во многих случаях не решен за 100200-300 лет и больше.

Расчеты по мутациям в гаплотипах и Y-хромосоме в целом – это только отдельная, но крайне важная часть ДНК-генеалогии. Там без специальных знаний в кинетике химических и биологических систем не обойтись, и именно это вызывает наибольший дискомфорт и агрессивность тех, кто пытается «тянуть одеяло на себя», но этими знаниями не обладают. Они беспомощны в ДНК-генеалогии, и в первую очередь это относится к представителям популяционной генетики в России. Их наука – сугубо описательная, пусть таковой и остается. ДНК-генеалогия прошла намного дальше, и с ней «конкурировать» уже бесполезно.

Можно только мирно сотрудничать.

Но расчеты по мутациям в ДНК выводят на новые горизонты знания, и там ДНК-генеалогия призвана образовать творческий симбиоз с археологией, историей, лингвистикой, этнографией, этногенезом и сопряженными науками. Там провести разграничительные линии уже невозможно. Проекты Академии будут тому наглядным доказательством.

Приоритетным направлением научной деятельности Академии является также развитие теоретической базы ДНК-генеалогии и разработка на ее основе надежных методов прикладной ДНК-генеалогии, ведение собственных научных проектов и организация работы Лаборатории ДНК-генеалогии. Поскольку Академия ДНК-генеалогии сразу выходит на широкие круги общества, то мы с самого начала отказались от «элитной модели» Академии. Причина проста – о ДНК-генеалогии говорят, спорят, начинают изучать свои ДНК-генеалогические линии, ждут открытия Лаборатории ДНК-генеалогии. Оказалось, что у нового научного направления очень много сторонников. И это замечательно. Общественная поддержка очень важна для становления и развития ДНК-генеалогии, и каждый может стать членом Академии ДНК-генеалогии. Но есть два условия. Первое – знание своей гаплогруппы, иначе какой деятельный интерес к ДНК-генеалогии без этого? Но мы не имеем права никого обязывать проходить ДНК-тест в США. Поэтому тест можно будет выполнить в Лаборатории ДНК-генеалогии, которая скоро должна открыться в Москве. Второе условие – поддержка Проектов Академии ДНК-генеалогии, с размером ежегодного взноса 3000 рублей. Это важно, потому что другого финансирования у Академии нет, а работы много. От уплаты взноса в первый год освобождаются те, кто уже сделал ранее пожертвование в сумме не менее 3000 рублей, или оказал другую конкретную помощь Академии – помогал в оформлении документации при регистрации Академии, разработал логотип Академии и т. д. Список членов указывается на официальном сайте http://dna-academy.ru/

Вопрос 6: **Вы ввели понятие научного патриотизма в рамках понятий ДНК-генеалогии. Поясните, пожалуйста.**

В общественном смысле научный патриотизм – это укрепление интереса к своим корням, предкам, формирование взаимного уважения между разными народами. Суть научного патриотизма – в восстановлении исторической справедливости о происхождении народов и их роли в истории. Это сейчас – более чем актуальная задача в отношении буквально всех народов Российской Федерации, и не только их. В частности, ДНК-генеалогия призвана активно противостоять русофобам всех мастей в их непрекращающихся уже более двухсот лет попытках умалить значимость славян и русских в истории, в том числе с привлечением порочной концепции «норманизма», которую громил еще М.В. Ломоносов. ДНК-генеалогия резко сдвигает баланс в сторону научного патриотизма, показывает, что норманизм – это фантом, это мировоззрение «пятой колонны», русофобство по своей сути. В проявлении своего научного патриотизма крайне заинтересованы осетины, карачаево-балкарцы, ингуши и чеченцы, которые все хотят доказательств своего аланского происхождения. В проявлении научного патриотизма крайне заинтересованы крымские татары и татары в целом, башкиры, чуваши, марийцы и множество других народов, в том же исключительно заинтересованы таджики, киргизы, афганцы, армяне, грузины, крайний интерес проявляют народы бывшей Югославии – сербы, словенцы, хорваты, боснийцы, македонцы, черногорцы и другие. Все возлагают надежды на ДНК-генеалогию и ее Проекты.

Вопрос 7: **Над какими Проектами идет или будет проводиться работа в Академии ДНК-генеалогии?**

Проекты Академии ДНК-генеалогии объединяют комплекс мультидисциплинарных исследований, включающих ДНК-генеалогию, историю, археологию, языкознание, этнографию и сопряженные науки, и ставят целью, как правило, продвижение наших знаний там, где их пока не сумели в полной мере, или вообще, продвинуть более традиционные науки. Проекты Академии позволяют критически рассмотреть существующие данные,

выводы и концепции (если такие имеются), и сформулировать новое знание. Проекты создаются на тех направлениях, где ученые не пришли к консенсусу или вопрос о консенсусе пока даже не был поставлен, хотя проблема в целом известна, порой столетиями.

Аланский Проект. В настоящее время ряд этнических образований Российской Федерации претендуют на свое происхождение от алан – ветви скифов, которых историки относят к периоду от начала нашей эры до 8-10 вв. н. э. Это, в первую очередь, карачаево-балкарцы, осетины, ингуши и чеченцы. Аргументы выдвигаются разные – от легенд, сказаний, этнонимов, лингвистических признаков до анатомических особенностей, которые приписываются аланам. Свидетельства науки при этом обычно категоричны, противоречивы и не могут быть примирены друг с другом уже как минимум 200 лет. Аланский Проект Академии основывается на массовом тестировании ДНК современников из упомянутых этносов, на тестировании ископаемых ДНК из паспортизированных скелетных останков, отнесенных археологами к аланам, и на ожидаемом консенсусе специалистов из всех упомянутых этносов (последнее желательно, но не обязательно, если консенсуса невозможно достичь даже при наличии убедительных данных ДНК-генеалогии). Проект необходимо проводить при непосредственном участии региональных правительств и научных учреждений. Энтузисты, готовые участвовать в реализации Проекта, на местах имеются, включая государственных служащих.

Арийский Проект базируется на массовом тестировании таджиков и жителей сопредельных территорий, а также на тестировании ископаемых ДНК исторической Бактрии. Цель Проекта – отнесение гаплотипов и гаплогрупп/субкладов тестируемых к историческим ариям и/или скифам и соответствующее продвижение исторической науки. Проект необходимо проводить при непосредственном участии правительств всех упомянутых этнических образований. Энтузиасты, включая профессоров вузов Таджикистана и правительственных служащих, готовы участвовать в реализации Проекта.

Проект Рюриковичей ставит своей целью выяснение того, к каким ДНК-генеалогическим линиям относятся наиболее вероятные современные претенденты на принадлежность к династии Рюриковичей, тестирование ДНК из усыпальниц и достижение консенсуса, если это возможно, с ведущими генеалогами России и Польши. Проект необходимо проводить при непосредственном участии правительств России и Польши.

Проект древних славянских племен ставит своей целью идентификацию ДНК-линий основных древнеславянских племен – полян, древлян, вятичей, кривичей (смоленских, избор-ских и северных), ильменских (новгородских) словен, радимичей, дреговичей, северян, полочан, волынян, бужан (потомков дулебов), уличей, тиверцев, хорват и других. Проект необходимо проводить в содружестве с археологами и историками соответствующих направлений.

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

Проект Коэнов ставит целью составление базы данных гаплотипов, относящихся – по заявлениям их носителей – к линии коэнов (коханим), полумифических потомков Аарона, брата Моисея, ДНК-линии Леви, одного из колен Израилевых, жившего предположительно 3600–3300 лет назад. Это – промежуточная цель, на пути к основной цели – выявление того, в какой степени этот миф имеет исторические корни и какая ДНК-линия (гаплогруппа, субклад, гаплотипы) может считаться с наибольшим обоснованием линией Аарона. Проект будет проводиться при поддержке Международной ассоциации коэнов (коханим) и лично Президента Ассоциации, Машуа Коэна.

Проект пропавших 10 колен Израилевых. Основная цель этого Проекта состоит в идентификации ДНК-линий каждого из 12 колен Израилевых, а также ДНК-линии Леви, не

входившей в состав 12 колен. Проект будет проводиться при поддержке Международной ассоциации коэнов (коханим) и лично Президента Ассоциации, Машуа Коэна, а также заинтересованных еврейских организаций. Сотрудничество с ними уже ведется.

Сакартвельский проект ставит целью создание базы данных грузинских субэтносов на основе массового тестирования грузин, и в содружестве с грузинскими археологами (в особенности Константина Пицхелаури, чл. – корр. Национальной АН Грузии) продвижения знаний об истории Грузии и грузинских археологических культурах в контексте их родовой принадлежности. Проект поддерживает Президент Национальной АН Грузии, академик Г.И. Квеситадзе. Главные музеи Грузии выразили желание предоставить свои паспортизированные образцы ископаемых скелетных останков для ДНК-тестирования.

Норманнский Проект преследует цель ДНК-генеалогической проверки так называемой «норманнской теории» основания российской государственности и массового заселения Руси норманнами, под которыми обычно подразумеваются скандинавы (по разным данным от 10 тысяч человек до сотен тысяч человек) во второй половине I тыс. н. э.

Балканский Проект ставит целью ДНК (родовую) реконструкцию состава мужской популяции Сербии, Хорватии, Боснии-Герцеговины, Словении, Македонии, Черногории во II тыс. до н. э. – I тыс. н. э., выяснение роли предков славян в Троянских войнах (конец II тыс. до н. э.) и в военных походах по Малой Азии в те же времена, в выявлении славянского компонента в исторических венетах и этрусках. Помимо этого, Проект включает изучение ископаемых ДНК в скелетных останках Лепенского Вира (9–7 тысяч лет назад), культурах Винча, Старчево и родственных балканских культурах.

Разумеется, список Проектов не ограничивается перечисленными выше. Он постоянно в рассмотрении и развитии.

Вопрос 8: **Русское издание Википедии утверждает, что вы *«позиционируете ДНК-генеалогию как авторскую концепцию, как новую научную дисциплину».* И далее Википедия утверждает – *«однако исследования генетического разнообразия человечества ведутся на протяжении уже почти сотни лет. В рамках современной популяционной генетики существует прикладная наука – генетическая генеалогия, изучающая характер генетических взаимосвязей на основе генеалогических ДНК-тестов. Генетическая генеалогия имеет в России и в других странах другое популярное название – ДНК-генеалогия»* . Прокомментируете?**

В этой книге я буду многократно обращаться к подобным заявлениям и их авторам. Авторы их – как правило, популяционные генетики, которые с самого начала появления ДНК-генеалогии заняли позицию конфронтации, к чему причин было немало. Одна из основных причин была в том, что попгенетики хотели полностью контролировать исследования по «генетическому разнообразию человечества», как сформулировано в вопросе выше, и противодействовали всему, что выходило из под их контроля. Со мной их контроль не удался с самого начала, отсюда негодование и конфронтация, которые со временем трансформировались с их стороны в «войну на уничтожение», сопряженную с «информационной войной».

Другая важная причина заключалась в том, что исследования в области ДНК-генеалогии немедленно выявили вопиющую безграмотность популяционных генетиков, особенно в расчетном аппарате, представлении данных, показали полное отсутствие научной школы в российской и международной попгенетике. Оказалось, что популяционные генетики в течение последних двух десятилетий генерировали фактически мусор в академической литературе. Расчеты датировок при использовании принятых и узаконенных в попгенетике «популяционных скоростей», они же «скорости Животовского», неизменно приводили к ошибкам на уровне 250–350 % (!), то есть там, где датировки древних племен и их миграций должны были быть, скажем, 5000 лет, у популяционных генетиков получались 15 тысяч лет. Естественно, это приводило к совершенно искаженным интерпретациям исторического характера, в свою очередь приводившим к форменному абсурду. Я в своих

работах всё это вскрывал и описывал, а попгенетики ничем не могли возразить.

Так продолжалось семь лет, с 2007 по 2014 гг, попгенетики молчали и делали вид, что ничего не происходит. За эти семь лет ни одного возражения от них в научной литературе не было, не считая совершенно беспомощного ответа от группы попгенетиков[9] на мою критику в журнале Human Genetics (2009)[10]. Да и там было не нападение на ДНК-генеалогию, а была робкая и пассивная защита «популяционных скоростей» в попгенетике, главным аргументом которой было, что «их применяют в литературе», значит, все в порядке. На этом я ниже еще остановлюсь.

Так вот, в ноябре 2014 года попгенетики открыли агрессивную кампанию против ДНК-генеалогии. Но поскольку никаких возражений против самой новой науки они найти не могли, то они обратили свою атаку на меня лично, на факты моей биографии и профессиональной деятельности, и основное внимание было при этом уделено лжи, подтасовкам, передергиваниям. Об этом уже было и будет в этой книге. Статья в Википедии обо мне (которую не я готовил и не я обновлял) подверглась форменному вандализму, выросла за счет лжи, подтасовок и недоразумений во много раз, и то, что написано в вопросе выше – тоже часть этой кампании. Небольшая группа вандалов (а то, что группа небольшая, ясно из обсуждения этой статьи в Википедии, причем наиболее активным вандалом был кандидат филологических наук А. Касьян, отнюдь не обременный знаниями ни в попгенетике, ни тем более в ДНК-генеалогии. Что им двигало в такой активности уродовать статью в Википедии – я понятия не имею. Он же подписал печально известное и лживое «письмо 24-х», о котором шла речь в Предисловии этой книги, и будет идти речь дальше, поэтому его активность в уродовании статьи в Википедии отнюдь не отражало его объективность.

Теперь, после этих объяснений, вернемся к заданному вопросу. Я не знаю, что я там «позиционирую», но ДНК-генеалогия действительно является новой научной дисциплиной. В науке понятие «новой научной дисциплины» определяется ее методологией. Методология ДНК-генеалогии не является методологией ни генетики, ни популяционной генетики. Расчетный аппарат ДНК-генеалогии является полностью отличным от расчетного аппарата генетики или популяционной генетики. Публикации по ДНК-генеалогии совершенно отличаются от публикаций по генетике или популяционной генетике. Википедия даже поместила высказывание О. Балановской, что она не в состоянии понять расчетный аппарат ДНК-генеалогии – цитирую: «они обрабатывают данные непонятными способами». Действительно, какая же ДНК-генеалогия «популяционная генетика», когда математический аппарат другой и непонятный? Вывод – не «позиционирую» я ДНК-генеалогию как новую научную дисциплину, а она таковой и является.

Далее, Википедия утверждает, что *«однако исследования генетического разнообразия человечества ведутся на протяжении уже почти сотни лет».* Ну и замечательно, только причем здесь ДНК-генеалогия? Мало того, что ДНК-генеалогия не имеет дело с «генетическим разнообразием», нет генов в ДНК-генеалогии. ДНК-генеалогия – не генетика. Это попгенетика занимается наследственными заболеваниями, картированием их по территориям и этносам, а ДНК-генеалогия этим совершенно не занимается. Да и вообще понятие «разнообразие» в ДНК-генеалогии отсутствует. Это попгенетика измеряет какие-то мутные «коэффициенты разнообразия», которые никогда и никому не были нужны. Стандартным местом в попгенетике является сообщение, что какая-то популяция имеет «коэффициент разнообразия» 0.98, а какая-то имеет 0.87, но я никогда не видел, чтобы эти

---

[9] Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009) Response. Human Genetics, 126, 725–726.

[10] Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki. Human Genetics, 126, 719–724.

цифры в публикациях обсуждались. Это совершенно никчемные величины. Разумеется, в ДНК-генеалогии их нет. Вывод – эти *«исследования ведутся на протяжении уже почти сотни лет»* – к ДНК-генеалогии никакого отношения не имеет. Мало ли что там «ведутся»? Иследования в астрологии тоже давно ведутся, но причем здесь ДНК-генеалогия?

Википедия продолжает – *«В рамках современной популяционной генетики существует прикладная наука – генетическая генеалогия, изучающая характер генетических взаимосвязей на основе генеалогических ДНК-тестов».* Ну и пусть существует, ДНК-генеалогия там опять не при чем. Балановские написали большой том под названием «Русский генофонд на Русской равнине», как обычно у них, совершенно невразумительный, и что показательно – во всем томе не приведено ни одного гаплотипа. Это и есть, видимо, «генетическая генеалогия». Да и вообще «изучение характера генетических взаимосвязей» не имеет никакого отношения к ДНК-генеалогии. Нет там генетики, нет и «генетических взаимосвязей».

Наконец, опять Википедия – *«Генетическая генеалогия имеет в России и в других странах другое популярное название – ДНК-генеалогия».* Да, имеет, и в России тоже, только слов «ДНК-генеалогия» до наших работ в России не было. Сейчас – есть. Кто хочет оспорить – пусть найдет хотя бы одну публикацию до 2006 года на русском языке, в который были бы слова «ДНК-генеалогия». Да и сейчас вряд ли есть, за исключением наших работ и тех, кто на них ссылается. Давайте проверим. Вводим в Google слова ДНК-генеалогия, на русском языке. Смотрим на первые десять результатов:

1. Реклама тестирующей компании Гентис, 2010 год.
2. Опять реклама Гентис, 2013 год
3. Видеоролик моего выступления на презентации книги.
4. Видеоролик моего выступления «Се – человек».
5. Реклама компании Гентис, зарегистрированной в 2009 году.
6. Описание нашего сайта «Родство», с сообщением, что термин «ДНК-генеалогия» впервые появился на этом сайте в 2006 году.
7. Статья «Введение в ДНК-генеалогию», написанная на основании моих статей и выступлений.
8. Сайт Игоря Гаршина, 2014 год.
9. Выступление М.Н.Задорнова, 2013 год.
10. Реклама моей книги «Происхождение славян».

Ну и далее – выступление члена нашей Академии ДНК-генеалогии; содержание нашего Вестника Академии ДНК-генеалогии; опять реклама книги «Происхождение славян», и так далее, 342 тысячи результатов, как сообщает Google. Кто найдет слова ДНК-генеалогия ранее 2006 года на русском языке – сообщите мне, буду признателен. На английском языке – одна статья с этими словами в названии, см. Вопрос 1. Всё. Никаких *«генетическая генеалогия имеет в России и в других странах другое популярное название – ДНК-генеалогия»* до 2006 года нет. Опять Википедия обманула. Зачем? А потому что ее «писатели» играют в детскую игру – любой ценой обмануть. Они думают, что это что-то изменит, или там репутацию уронит, что им страстно хочется. Зачем? Это, пожалуйста, к психиатру, не ко мне.

Вопрос 9: **Чем популяционная генетика отличается от ДНК-генеалогии?**

Практически всем. Адресуемыми вопросами, целями и задачами, методологией, расчетным аппаратом, характером выводов, определениями популяций. Но главное – это вообще другая область науки. Популяционная генетика – описательная по сути, а ДНК-генеалогия – аналитическая. Попгенетика описывает структуру популяций, ДНК-генеалогия описывает историю популяций. Название ведь о многом говорит. Не случайно биологическая химия – это химия, а химическая физика – это физика. Физическая химия – это химия. Биофизика, то есть биологическая физика – это физика. Второе слово в таких составных названиях дисциплин показывает, к какой области науки дисциплина относится. Так вот,

популяционная генетика – это генетика. А ДНК-генеалогия к генетике по сути дела никакого отношения не имеет, это – генеалогия, то есть история.

Популяционные генетики с самого начала возникновения термина «ДНК-генеалогия» пытались не допустить возникновения новой науки, потому что прекрасно понимали, что потеряют контроль, монополию на публикации в этой области, и самое главное – что их примитивные и зачастую неверные методы получат огласку. Так, кстати, и получилось. Поэтому они с самого начала возражали против термина ДНК-генеалогия, настаивали, что это то же самое, что популяционная генетика. Это, конечно, не так.

В итоге в российской популяционной генетике сложилась печальная ситуация. Небольшая группа крикливых оппонентов, одни из которых хотят сохранить для себя систему распределения финансовых грантов, то есть продолжать иметь полный доступ к деньгам, другие – их приятели, у третьих есть личные причины, у каждого свои, начинают агрессивно «захлопывать», не гнушаясь никакими средствами. Для этого есть Википедия, есть научные конференции, которые они сами организуют, есть сетевые издания, которые они сами контролируют, есть «дискуссионные сайты», типа «Троицкого варианта», которыми они или управляют, либо вводят ведущих в заблуждение, и кампания разворачивается. Как показывают данные, которые приведены ниже в данной книге, всего десяток человек-оппонентов генерируют на «дискуссионных сайтах» тысячи сообщений, а поскольку это почти исключительно ложь и передергивания, то дискутировать там смысла не имеет. Тактика таких дискуссий давно отработана. Выдвигается очередное ложное положение. Если на него не отвечать, то пишут, что не отвечает, значит, согласен. Если отвечать, раздается хор голосов, что «он оправдывается», значит, неправ. Потоком идут лживые приписки, которые «обвиняемый» никогда не говорил, приводятся якобы «сведения» персонального характера, которые не соответствуют действительности. Отвечать на все это смысла не имеет.

Так вот, о популяционной генетике. Популяционная генетика – это часть генетики, о чем говорит ее название, но со своими особенностями. Главная задача популяционной генетики – это выявление связи между генотипом и фенотипом, то, к чему ДНК-генеалогия не имеет отношения. Популяционная генетика иногда тоже рассматривает гаплогруппы и гаплотипы Y-хромосомы, как и ДНК-генеалогия, но на этом сходство заканчивается. Аппарат популяционной генетики, применяемый для интерпретации получаемых данных, например, «метод главных компонент», характеризуется со стороны ДНК-генеалогии как совершенно примитивный и ведущий к заблуждениям, и не используется в ДНК-генеалогии. Он не отвечает задачам ДНК-генеалогии.

В целом же генетика человека – это наука, изучающая наследственность и изменчивость признаков, определяющих врожденные особенности человека, и передаваемых, как правило, через гены. Но ДНК только на 2 % состоит из генов, а в Y-хромосоме генов вообще ничтожная доля. ДНК-генеалогия в настоящее время изучает в основном Y-хромосому, и не изучает наследственность и изменчивость упомянутых признаков, передаваемых через гены.

Но дело даже не столько в этом. Направления и области науки определяются не объектами исследования, а методологией исследования. Именно методология исследования отличает, например, химию от физики, хотя объекты часто одинаковы. Методология генетики совершенно другая, чем методология ДНК-генеалогии. У них разные задачи исследований. ДНК-генеалогия по сути историческая наука, она оперирует хронологией, датировками древних событий, и для этого ДНК-генеалогия использует свой расчетный аппарат, которого нет в методологии генетики. ДНК-генеалогия использует и развивает методы физико-химической кинетики в применении к ДНК, переводит картину мутаций в хронологические, исторические показатели, как указывалось выше. Это вообще не входит в методологию генетики, у нее другой экспериментальный и аппаратурный базис.

Повторяем, что экспериментальные данные ДНК-гене-алогии – это картина мутаций в нерекомбинантных (то есть не комбинирующихся с другими в ходе передачи наследственной

информации потомкам) участках мужской половой хромосомы (на самом деле – и в митохондриальной ДНК, но пока в малой степени, так как информативность мтДНК в ДНК-генеалогии пока несравненно меньше, чем информативность Y-хромосомы). Речь здесь идет об информативности для исторических исследований, которую определяет картина мутаций как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, племен, родов, популяций. Естественно, в данном контексте термин «популяций» относится к мужской половине рассматриваемой популяции. В ДНК-генеалогии популяция – это мужская часть населения, на которую распространяются выводы, полученные при рассмотрении определенной выборки. Популяция может или ограничиваться выборкой, или, чаще, быть шире выборки, но при этом подразумевается или доказывается, что выявленные закономерности выборки распространяются на рассматриваемую популяцию. Например, если в пределах популяции сделаны несколько независимых выборок, и результаты в пределах погрешности расчетов совпали, то эти результаты могут распространяться на всю популяцию, пока не найдено обратного.

В ДНК-генеалогии понятие популяции имеет несколько другой смысл, чем в популяционной генетике. Если в ДНК-генеалогии, как пояснено выше, популяция – это мужская часть населения, исторически сложившаяся на определенной территории или в ходе древней миграции, и относящаяся к одному роду, как правило, по мужской линии, то есть воспроизводящая себя в границах рода из поколения в поколение, то в популяционной генетике популяция – это относительно обособленная группа населения, исторически сложившаяся на определенной территории и воспроизводящая себя в этих границах из поколения в поколение. Как видно, между этими двумя определениями популяциями есть два заметных различия. Первое – что в популяционной генетике популяция включает мужчин и женщин, в ДНК-генеалогии – или только мужчин, или только женщин. Причина проста – расчеты в ДНК-генеалогии ведутся или только по мужской линии (Y-хромосома), или только по женской (мтДНК). Второе – в ДНК-генеалогии нет требования обособленности популяции, потому что критерии выборок и расчетов другие. Если на одной территории проживают носители нескольких гаплогрупп, то после идентификации этих гаплогрупп обработка соответствующих данных производится раздельно. В итоге выясняется, как правило, что их древние миграции были различными, что датировки тех миграций были различными, и что, разумеется, общие предки разных гаплогрупп, то есть популяций, были различными.

Итак, методология новой науки – перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле – общих предков древних родов и племен. То есть фактически по мутациям в ДНК производится расчет времен, когда в древности жили эти рода и племена, и как эти времена меняются от территории к территории, что может указывать на направления древних миграций[11].

Попгенетики утверждают, что и генетика, и ДНК-генеалогия изучают ДНК, значит – ДНК-генеалогия это генетика. Но это ошибка – полагать, что направление науки определяется объектом исследования. Изучать ДНК– это далеко не обязательно генетика.

---

[11] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256; Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, 126, 719–724; Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34; Клёсов, А.А. (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, № 5, 636–653; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105; Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, 2, No. 3, 139–156.

Например, химик, растворяя ДНК в кислоте и изучая, скажем, вязкость получаемого раствора, вовсе не занимается генетикой. Альберт Сент-Дьорди как-то сказал – «Дайте химику динамомашину, и он тут же растворит ее в соляной кислоте». Это вовсе не означает, что химик при этом будет заниматься электродинамикой.

Это же относится и к искаженным и примитивным методам обработки картин мутаций в ДНК в рамках популяционной генетики. Если популяционный генетик увидит (или получит) набор из сотни гаплотипов, скажем, 37-маркерных, в котором, например, четыре гаплотипа одинаковых, и еще семь будут совпадать друг с другом случайными парами, он сообщит, что в наборе имеется «89 уникальных гаплотипов», и это и будет результатом его исследования, который пойдет в статью в научный журнал. Ни он, ни рецензенты не хотят признать, это эта «информация» не имеет ни малейшей ценности, и фактически никому в таком виде не нужна. Но таковы принципы и правила популяционной генетики. «Молекулярной историей» это назвать никак нельзя. А специалист в ДНК-генеалогии сразу скажет, что общий предок этих ста гаплотипов жил 925±105 лет назад, потому что натуральный логарифм отношения 100/4, поделенный на константу скорости мутации для 37-маркерных гаплотипов (0.09 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет) равен 36 → 37 условных поколений, то есть общий предок этой сотни гаплотипов жил примерно 925 лет назад. Сказать это с большей определенностью можно тогда, когда подсчитано число мутаций во всех ста гаплотипах, и если оно будет равно, например, 324 (или близко к тому), тогда 324/100/0.09 = 36 → 37 условных поколений (этот метод расчета называется линейным, в отличие от приведенного выше логарифмического), то есть ровно тот же промежуток времени до общего предка. Погрешность расчетов определяется по известным правилам[12]. Совпадение времен до общего предка для «логарифмического» и «линейного» метода (в первом мутации не считаются, во втором считаются) свидетельствует, что закономерности образования мутаций в гаплотипах следуют кинетике первого порядка, что в свою очередь означает, что все сто гаплотипов действительно произошли от одного прямого общего предка.

Популяционная генетика такими подходами не пользуется, они ей чужды по ряду причин, среди них – приверженность устаревшим, традиционным подходам, отсутствие соответствующего образования, клановость, отсутствие хорошей научной школы. Короче, ДНК-генеалогия является другой дисциплиной, нежели популяционная генетика.

Вопрос 10: **Можно ли называть снипы и гаплотипы в Y-хромосоме «генами»? Почему попгенетики постоянно называют их «генофондом»?**

Называть снипы и гаплотипы/маркеры в Y-хромосоме «генами» категорически нельзя. Называть совокупность снипов и гаплотипов «генофондом» категорически нельзя. То, что их так называют Балановские – это или вопиющая безграмотность, или совершенно расхлябанный жаргон. Они, Балановские, повсюду используют термин «генофонд», относя его к гаплогруппам, субкладам и гаплотипам. Они не понимают, или не знают, что генофонд – это совокупность генов. Даже Википедия это знает, цитирую – *«Генофонд (также генный пул, пул генов – англ. «gene pool»)».* Понятие генофонда сформулировал еще в 1928 году А.С. Серебровский, цитирую – *«Совокупность всех генов данного вида… я назвал генофондом».* Нет в гаплотипах и гаплогруппах генов, никакой это не генофонд.

Балановские же от статьи к статье, от высказывания к высказыванию называют снипы (!) «генофондом». Очередной пример, из десятков и сотен, в недавней статье в сборнике «Археология, этнография и антропология Евразии» (Том 43, № 2, 2015), статья называется (привожу только часть названия) «Структура генофонда по данным маркеров Y-хромосомы». В авторах – Е. Балановская. И дальше, первая фраза Абстракта «Изучен генофонд популяции

[12] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216.

по SNP-маркерам Y-хромосомы». Категорически неверно. Я уже не говорю, что здесь безграмотность еще и в другом – не пишут в Абстракте «изучено то-то», пишут, что именно обнаружили, нашли, какие выводы сделали. Не пишут в Абстракте «мы собирали грибы», пишут «мы нашли 8 кг грибов», если уж объяснять на пальцах. Но Балановская и эти элементарные вещи не знает, научная школа напрочь отсутствует.

Говоря о ДНК-генеалогии – ни к генетике, ни к генофонду она отношения не имеет. Хотя в определённой части ДНК-генеалогии рассматривают и гены, например, при рассмотрении всего генома человека, но это – специальная часть ДНК-генеалогии, и этого мы здесь касаться не будет. ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота) – это не только гены. Гены вообще занимают только 1,9 % последовательности ДНК. Остальные 98,1 % – длинные участки, так называемые «никчёмные». Генов там нет.[13]

«Никчёмными» эти негенные последовательности ДНК назвали по незнанию, и это название уже уходит в прошлое. По мере исследований, оказалось, что эти последовательности хранят массу информации не только «генеалогического» характера. Более того, оказалось, что они, эти «никчёмные» участки, содержат сотни, если не тысячи крошечных генов РНК, кодирующих так называемые микро-РНК, длиной всего пару десятков нуклеотидов каждый, и которые регулируют синтез белков. Но это – предмет другого повествования.

Эти негенные участки ДНК в мужской Y-хромосоме, одной из 23 хромосом, которые доставляются сперматозоидом в организм будущей матери, копируются от отца к сыну, поколение за поколением. Поскольку у матери такой хромосомы нет, то сын наследует её только от отца. Хромосомы сплетаются с материнской ДНК и образуют новую комбинированную молекулу ДНК, в которой хромосомы отца и матери перетасовываются. Перетасовываются все, кроме мужской Y-хромосомы.

Так и получается, что отец передаёт сыну эту Y-хромосому интактной, строго скопированной со своей. Свою Y-хромосому он получил от своего отца. Тот – от своего. И так далее, на тысячи, десятки тысяч и сотни тысяч лет вглубь, назад, к далёким предкам современных людей и к предкам тех далёких предков.

Если бы Y-хромосома так и передавалась из поколения в поколение действительно неизменной, толку для генеалогии от неё было бы мало. Но неизменного ничего в мире нет, особенно когда речь о копировании. Копирования без ошибок не бывает. В том числе и копирования Y-хромосомы.

Вопрос 11: **О каких «экспериментальных точках», или «экспериментальных данных» идет речь при описаниях цели и задач ДНК-генеалогии? Что за «динамическая картина мутаций» в Y-хромосоме? Как это – переводить «картину мутаций» в хронологические показатели?**

Результаты ДНК-тестирования мужчин в ДНК-генеалогии сводятся к двум основным показателям. Это – гаплотип и гаплогруппа. Гаплотип – это набор чисел, который является «личным номером ДНК-паспорта» любого мужчины, без исключения. А гаплогруппа, фигурально говоря, это обложка паспорта. Это – не индивидуальная, а групповая характеристика. Гаплогруппа определяет носителя гаплотипа в определенный род, или племя. У любой гаплогруппы, как у любого рода или племени, был один общий предок, патриарх. Поэтому как номер паспорта при наличии обложки является уникальным «определителем» человека, так и гаплотип в совокупности с гаплогруппой являются не менее уникальным определителем человека, при условии, что номер (гаплотип) является достаточно протяженным. Примеры дадим ниже.

Если у мужчины такого номера и паспорта нет, то это не мужчина, а женщина. Именно

---

[13] Клёсов, *А.А.* (2012) Микросателлиты и гены Y-хромосомы. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 5, № 7, 911–913.

к такому выводу сейчас нередко приходят археологи, которые именно так наиболее надежно определяют пол скелетного остатка в древнем захоронении. Нет Y-хромосомы, нет мужского гаплотипа и мужской гаплогруппы – значит, женщина. У последних – свой ДНК-паспорт, под названием «митохондриальная ДНК», который они передают своим детям, как девочкам, так и мальчикам. А отец передает исключительно Y-хромосому, и только, разумеется, сыновьям.

Иногда бывают забавные ошибки, которые нередко встречаются в генетике, или в популяционной генетике даже в первичных данных. Так, несколько лет назад изучали геном неандертальца, и обнаружили, что его нуклеотидные последовательности соответствуют гаплогруппе R1b, что для неандертальца более чем невероятно. Потом вообще оказалось, что это самка неандертальца.

В итоге генетики поняли, в чем дело – это было загрязнение образца ДНК от современников, собирающих и обрабатывающих образцы. Вопрос был закрыт.

Итак, у каждого мужчины или мальчика есть Y-хромосома (которой, повторяю, у женщин нет), которая с большой точностью передается к сыну от отца, а тому – от своего отца, а тому – от своего, и так на протяжении сотен, тысяч, десятков и сотен тысяч лет, и все эти тысячелетия, поколение за поколением, Y-хромосома передается почти в неизменном виде. «Почти» – это потому что в мире ничего неизменного – на протяжении тысячелетий – не бывает. В Y-хромосоме тоже происходят постепенные (точнее, микроскачками) изменения, и в среднем на каждое поколение, от каждого отца к каждому сыну, в Y-хромосоме происходит одна мутация, при которой один нуклеотид (это – минимальный блок ДНК, размером примерно в молекулу обычного столового сахара) случайно, неупорядоченно превращается в другой. А в Y-хромосоме таких нуклеотидов 58 миллионов. Так что «почти в неизменном виде» – это одна мутация на 58 миллионов потенциальных вариантов, которые в остальном остаются неизменными. Каждая такая мутация наследуется практически навсегда, потому что при копировании ДНК в следующем поколении биологическая копировальная машина в клеточном ядре «не знает», как оно там было в прошлом поколении. Ее задача – копировать.

Поэтому у каждого мужчины в Y-хромосоме своя картина мутаций. У близких родственников картина мутаций похожа, потому что они, родственники, сравнительно недавно произошли от одного общего предка, и дополнительные мутации в их Y-хромосомах еще не успели образоваться. Если общий предок жил тысячелетия назад, то картина мутаций у потомков разная. Как эту картину отображают?

Отображают картину мутаций в виде так называемых гаплотипов, упомянутых выше как «личный паспорт» каждого мужчины, а именно в виде определенных последовательностей чисел, характерных для каждого человека. Чем эта последовательность длиннее, тем уникальнее гаплотип. Например, у автора этих строк гаплотип Y-хромосомы, состоящий из 111 чисел, записывается в следующем виде:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 17 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16
16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22
22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 31 15 9 15 12 25
27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10 18 15 20 12
24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11

Это – так называемый 111-маркерный гаплотип. Здесь первое число показывает, что в одном из маркеров, или локусов Y-хромосомы определенная последовательность нуклеотидов повторяется 13 раз. В другом маркере, который здесь показан как следующий, блок нуклеотидов повторяется 24 раза, и так далее.

Покажем для сравнения 67-маркерный гаплотип киргиза, из Киргизского Проекта FTDNA (FTDNA – это наиболее известная американская коммерческая компания, которая также ведет значительную исследовательскую работу, и ведет сотни научных и

информационных проектов):

13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **18 15** 9 10 11 11 **23** 14 **21 32 12** 15 **15** 16 11 11 19 23 **16** 16 **19 17 33 40 14** 11 11 **8** 17 17 8 11 10 8 **12** 10 12 **21** 22 15 10 12 12 13 8 **14 22** 21 12 **12** 11 13 11 11 12 **12**

И еще один гаплотип, другого киргиза из того же Проекта:

13 **26** 16 11 11 **11** 12 12 10 **14** 11 17 **15** 9 10 11 11 24 14 **21 31 12** 15 **15** 16 11 11 19 23 **16** 16 **18 17 33 40 15** 11 11 **8** 17 17 8 11 10 8 **12** 10 12 **21** 22 15 10 12 12 13 8 **13 22** 21 12 **12** 11 13 11 11 12 **12**

Выделены мутации между моим гаплотипом и каждым из приведенных киргизских. Их, соответственно, 31 и 33 мутации, а между двумя киргизскими – всего 9 мутаций. Видно, что оба киргиза между собой намного более близкие родственники, чем каждый из них со мной. Уже просматривается основа для определенных выводов, особенно когда изучаются не два гаплотипа, а десятки, сотни, тысячи гаплотипов.

Здесь мутации в ряде маркеров подсчитывались специальным образом, но не будем сейчас на этом останавливаться. Эти различия можно перевести в хронологические показатели, зная среднюю скорость образования мутаций в гаплотипах, и получится, что общий предок автора этих слов и указанных киргизов жил примерно 4500 лет назад, в середине III тыс до н. э., как раз во времена арийских миграций по Русской равнине и Средней Азии, а обоих киргизов – примерно 1010 лет назад, в начале 11-го века нашей эры. Как делается такой расчет, мы покажем ниже.

Вопрос 12: **Вы упомянули, что в Y-хромосоме происходит в среднем одна снип-мутация за поколение. Как это определили?**

По данным разных исследователей, необратимые снип-мутации в Y-хромосоме, и, видимо, в ДНК в целом, происходят со средней скоростью между 0.5 × 10-9 и 1.0 × 10-9 на нуклеотид в год. В последнее время прошла серия работ независимых исследователей, в которых средняя скорость снип-мутаций определена как 0.78-0.82 × 10-9 на нуклеотид в год. Наконец, исследователи в компании YFull, которые занимаются расчетами скоростей мутаций в Y-хромосоме, принимают в своих расчетах величину скорости 0.8178 × 10-9 на нуклеотид за год[14], хотя такая точность определения совершенно нереальна. Поскольку вся Y-хромосома – примерно 58 миллионов нуклеотидов, и если скорость снип-мутации – 0.8178 × 10-9 на нуклеотид за год, то это составляет 0.8178 × 10-9x58 × 106 = 0.04743 на всю хромосому в год, или 1.185 на всю хромосому за 25 лет. Даже если скорость мутаций не такая точная, а, как свидетельствуют разные публикации, между 0.5 и 1.0 × 10-9, то снип-мутации происходят в среднем между 0.725 и 1.45 мутаций на всю Y-хромосому за 25 лет. То есть как ни считать, мутации в Y-хромосоме происходят со средней скоростью примерно одна мутация за поколение.

Вопрос 13: **В последнее время датировки образования гаплогрупп и субкладов определяют по числу снип-мутаций между субкладами или от рассматриваемого субклада до настоящего времени. Сколько при этом принимают число лет на снип? В литературе встречаются величины от 90 до 200 лет на снип. Как такое может быть? Судя по вашим сообщениям, вы весьма критически относитесь к расчетам по снипам, предпочитая расчеты по гаплотипам. Так ли это?**

[14] Адамов, Д., Гурьянов, В., Каржавин, С., Таганкин, В., Урасин, В. (2015) Константа скорости SNP мутаций Y-хромосомы по данным полного секвенирования. The Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия): Том 7, № 1,46–67.

Такое быть не может по разным причинам – или неправильно считают, или считают по разным фрагментам Y-хромосомы. В ответе на предыдущий вопрос было показано, что если брать для расчетов всю Y-хромосому, то одна снип-мутация происходит примерно раз в 25 лет, и эта величина еще зависит от того, какую скорость мутации принять для расчетов. Если скорость мутации будут брать от 0.5X10-9 до 1.o × 10-9 на нуклеотид за год, то снип-мутация происходит раз в интервал времени между 34 и 17 лет. Мы уже видим, что если скорость мутации не откалибровать надежно, то точность такого метода невелика. Помимо того, точность в реальных условиях еще более низкая, потому что почти никто не секвенирует полную Y-хромосому в поисках снипов, а секвенируют фрагменты, либо небольшие, в 300–500 тысяч нуклеотидов, либо в 10 миллионов нуклеотидов (как в методе BigY), либо, реже, в 30 миллионов нуклеотидов. Но когда пишут, что секвенируют фрагмент в 10 миллионов нуклеотидов, там фрагмент легко может оказаться между 8 и 11 миллионами, и это еще оптимистическое заключение.

Давайте посмотрим, к чему это приведет. Как отмечалось выше, компания YFull принимает величину константы скорости мутации 0.8178X10-9, в таком случае одна мутация во всей

Y-хромосоме происходит в среднем раз в 1/0.04743 = 21.08 лет. Во фрагменте в 30 миллионов нуклеотидов – раз в 41 год. Во фрагменте в 10 миллионов нуклеотидов – раз в 122 лет. Если фрагменты малые, в 300 тысяч нуклеотидов, то раз в 4075 лет. Вот и выбирайте. YFull собщает, что средний размер фрагмента Y-хромосомы, по которому они ведут расчеты, составляет 8467165 нуклеотидов (такая точность тоже смешна, ну да ладно, это у попгенетиков неисправимо). Тогда одна мутация в таком фрагменте происходит в среднем раз в 144.41 лет (это опять сообщают YFull, опять с такой точностью). Когда умножают на число снипов, к этому прибавляют еще 60 лет. Как объясняют в YFull, 60 лет – это средний возраст клиента, который к ним обращается.

Итак, если читатель не хочет разбираться в деталях, то на этом этапе можно резюмировать, что если исследователи сообщают, что анализируют (в поисках снипов) фрагменты Y-хромосомы в 10 миллионов нуклеотидов, то там на самом деле может быть восемь с половиной миллионов нуклеотидов, и если при этом считать, что скорость снип-мутации составляет именно 0.8178 × 10-9 на нуклеотид в год, то одна снип-мутация происходит раз в 144 года. На деле там, конечно, погрешность более чем солидная.

Но это еще не всё, и погрешность часто еще значительно больше. Дело в том, что снип-мутации происходят не через равные промежутки времени, а неупорядоченно. Если при этом рассматриваются цепочки снипов протяженностью десятки и сотни тысяч лет, то это аналогично рассмотрению ситуации с сотнями бросков монеты, и погрешности из-за неупорядоченности нивелируются. Но для относительно недавних снипов метод расчета очень неточный. Например, если снип образовался 750 лет назад, то в цепочке нисходящих снипов их всего 750/144 = 5 снипов, и погрешность определения времени образования, согласно формулам математической статистики, не меньше ±46 % (с 68 %-ной достоверностью) или ±92 % (с 95%ной достоверностью). В итоге погрешности у большинства датировок по снипам в таблице значительно более высокие, чем у датировок по мутациям в гаплотипах, которые будут рассматриваться ниже.

Есть еще серьезная проблема – в расчетах компании YFull часто игнорируют фактическое количество снипов, и ставят ту датировку, которая им представляется более правильной, «по понятиям». При этом они всегда постулируют, что при разветвлении снипов они образовались точно в одно и то же время, хотя это события совершенно независимые. По аналогии, если у отца двое сыновей, то их возраст далеко не всегда одинаковый, один мог родиться, когда отцу было 18 лет, другой – когда отцу было 70 лет. Такой постулат, «о равенстве возраста сыновей» часто приводит к ситуациям, когда к одному снипу от вышестоящего ведет 5 мутаций (в среднем 720 лет), к другому 20 мутаций (в среднем 2880 лет), а YFull записывает их «возраст» как одинаковый, либо 720, либо 2880 лет, выбор датировки фактически произвольный. В итоге получаются несуразные датировки.

Примеры – в переходе R1a-Y35 > YP7278 зафиксировано 9 промежуточных снипов (это приведено в таблице на сайте YFull), что соответствует 1300 лет разницы, однако датировка для обоих снипов, родительского и нисходящего, приведена как одинаковая, 4300 лет назад. В переходе CTS3402 > CTS2613 зафиксировано 17 промежуточных снипов (2450 лет разницы), однако датировка для обоих снипов в списке YFull – одинаковые 4300 лет назад, вместо 1850 лет назад для нисходящего, как должно быть (и как дает более точная датировка по гаплотипам). И так в таблицах YFull повторяется десятки и сотни раз.

Приходится на этом столь подробно останавливаться, потому что в последнее время усиленно распространяется легенда, что расчеты по снипам – значительно более точные, чем любыми другими методами. Историки могут принять эту легенду за чистую монету, и опять повторится ситуация последних 15 лет, когда практически все расчеты популяционными генетиками, опубликованные в академических журналах, были кардинально искажены, с завышениями до 300–400 %. Для расчетов на времена удаленные, как правило, более 5-10 тысяч лет назад, и тем более на 100–200 тысяч лет назад, когда число снип-мутаций исчисляется многими сотнями, расчеты по снипам действительно могут оказаться полезными, но вводимые постулаты, как равенство датировок для «параллельных» снипов, опять сводит эту пользу к нулю, если не к отрицательным величинам.

Так что да, я весьма критически отношусь к расчетам датировок по снипам, если они не подтверждены перекрестными расчетами с использованием других методов, например, по мутациям в гаплотипах, о чем речь пойдет ниже. Но часто бывает, что другие методы непригодны, или нет соответствующих гаплотипов. Тогда приходится принимать то, что есть. Но часто бывает, что совпадение расчетов по снипам и гаплотипам вполне удовлетворительное. Это придает уверенность, что в принципе подход, основанный на числе снипов, правильный, но он нуждается в доработке.

Здесь надо сказать, что попгенетики опять в своем амплуа – Балановский уже провозгласил, что метод расчетов по снипам самый точный, и ненавистные ему расчетные подходы ДНК-генеалогии можно отставить. Это опять было провозглашено без какого-либо исследования, и единственная статья, в которой Балановский этот метод использовал, дала неверные результаты. Дело в том, что Балановский в своей манере выхватил из многих вариантов лишь одну скорость мутации – 122 года на снип, без малейшего ее обоснования или проверки, и опять получил неверные датировки[15].

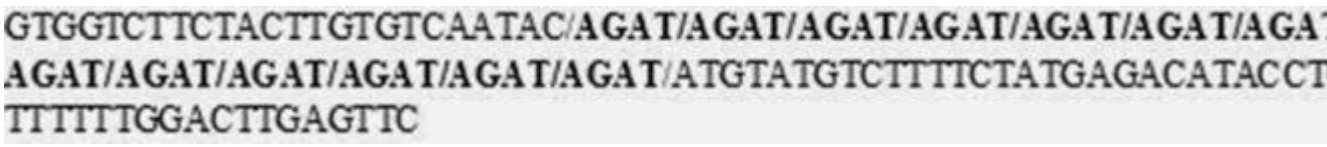
Вопрос 14: **Что такое гаплотип, и откуда получают те числа, которые показаны при записи гаплотипов?**

Эти числа называются «аллели», и показывают, сколько раз определенная (относительно короткая) последовательность нуклеотидов повторяется в Y-хромосоме ДНК человека. Например, такая последовательность: аденин-гуанин-аденин-тимин, или в сокращенном виде АГАТ, или, как чаще записывают, AGAT. Участок Y-хромосомы, в котором имеет место такой повтор, который еще называют «тандемным повтором», четко определен, и носит название DYS393 (DYS означает DNA *Y-chromosome* Segment, то есть “сегмент Y-хромосомы ДНК). Каждый из таких участков ДНК называется «маркером», и таких маркеров в Y-хромосоме человека примерно 2500.

В моем гаплотипе, приведенном выше, как и в гаплотипах обоих киргизов, это – первое число, равное 13. Это записывается как DYS393=13, и означает, что у всех нас в данном маркере четверка AGAT повторяется 13 раз. Вот так:

---

15 Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.



и эти повторы обрамляются уже неупорядоченными последовательностями нуклеотидов в ДНК, как показано выше.

Второе число, аллель в маркере DYS390, у нас троих у всех разное, у меня 24, у одного из упомянутых киргизов 25, у другого – 26. Это – суммарное число повторов других тандемных четверок, а именно TCTG, то есть тимин-цитозин-тимин-гуанин, и TCTA, тимин-цитозин-тимин-аденин.



В данном случае четверка, TCTG переходит в четверку TCTA, и число повторов складывается.

То есть мы видим, что тандемные повторы состоят не только из разных нуклеотидов в разных комбинациях, и различаются не только числом повторов, но и порой разные повторы комбинируются в одном маркере. Все это создает огромное число вариантов комбинаций, и, как уже было упомянуто, в Y-хромосоме имеется примерно 2500 разных маркеров. Из них в ДНК-генеалогии используется пока не так много, немногим более ста, в редких случаях несколько сотен, как будет показано ниже. Большинство их стандартизованы, то есть записываются в стандартном виде, содержат определенное число аллелей, записанных в определенной последовательности. Ниже я продемонстрирую разные варианты гаплотипов, взяв свой за пример.

Гаплотипы ДНК выбирают так, чтобы в них маркеров было как можно больше (но все-таки чтобы оставаться в рамках практичности), и в ранних работах, примерно до 2005-го года, использовались 6-маркерные гаплотипы, как, например, такой

16 12 24 11 11 13

Это – аллели в маркерах DYS19, DYS388, DYS390, DYS391, DYS392 и DYS393. Видно, что в ранних работах маркеры в гаплотипах располагали в порядке нумерации. Но система быстро сбилась из-за ее непрактичности, потому что при добавлении новых маркеров приходилось опять перетасовывать всю цепочку гаплотипа. Поэтому до 12-маркерных гаплотипов (в 7-, 8-, 9-, 10-, 11-маркерных) наблюдается разнобой в их последовательности, а с 12-маркерных система в целом упорядочивается, и новые маркеры просто добавляются к первым 12 маркерам:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 17

Это – маркеры DYS393, DYS390, DYS19, DYS391, DYS385a, DYS385b, DYS426, DYS388, DYS439, DYS389-1, DYS392 и DYS389-2.

Впрочем, некоторый разнобой есть и здесь. Например, последняя аллель записывается в двух вариантах – как записано выше (DYS389-2 = 17), и как сумма DYS389-1 и DYS389-2, то есть 30. На мой взгляд, лучше первый вариант, потому что со вторым часто происходит путаница с подсчетом числа мутаций. Например, если мутация в маркере DYS389-1

изменила величину аллели с 13 до 14, то сразу видно, что там всего одна мутация:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 17
13 24 16 11 11 15 12 12 10 **14** 11 17

А во втором варианте записи имеем

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30
13 24 16 11 11 15 12 12 10 **14** 11 **31**

и для неопытного глаза представляется, что там прошли две мутации.

Далее идут 17-, 19– и 23-маркерные гаплотипы, в которые имеются уже несколько рассогласований – и по порядку маркеров, и по величинам аллелей, но не будем на этом здесь останавливаться.

Далее идут 25-маркерные гаплотипы, в которых к первой 12-маркерной панели добавлена вторая, 13-маркерным панель:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30–16 9 10 11 11 24 14 20 34 15
15 16 16

и 37-маркерные

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30–16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15
16 16–11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11

Здесь показан пример записи гаплотипов с разделительными дефисами (или тире) между панелями гаплотипов, чтобы не сбиваться при длинных, монотонных последовательностях чисел. Сейчас работа рутинно ведется с 67-маркерными гаплотипами

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30–16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15
16 16–11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11–11 9 17 17 8 11 10 8 10
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13

и 111-маркерными гаплотипами

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30–16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15
16 16–11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11–11 9 17 17 8 11 10 8 10
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13–31 15
9 15 12 25 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10
18 15 20 12 24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11

Это все, напоминаю, гаплотип одного и того же человека, автора данной книги, все они – один и тот же «ДНК-генеалогический паспорт», только с разным разрешением, которое, естественно, тем больше, чем более протяженный гаплотип. Но наука на этом не останавливается, и, например, у того же автора определен уже 431-маркерный гаплотип:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16
16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22
22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 31 15 9 15 12 25
27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10 18 15 20 12
24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11 10 12 15 15 10 10 8 8 9 13 7 8

10 10 13 14 14 15 31 32 11 10 9 9 8 24 8 8 8 16 22 22 24 21 23 14 16
25 28 15 15 6 11 14 15 8 14 11 12 10 11 10 10 11 11 18 10 12 10 7 10 5
8 9 5 5 11 15 8 29 6 7 10 13 11 6 7 7 7 16 10 11 16 22 23 11 12 12 10 7
12 12 13 7 3 20 18 11 11 8 9 13 13 10 11 22 12 16 13 14 11 11 12 10 12
9 13 9 12 11 12 16 7 14 12 10 9 10 4 7 7 13 13 12 11 9 11 10 11 14 8 4 8
6 11 11 16 9 11 13 19 12 12 9 10 9 9 11 11 9 9 14 14 15 9 7 10 12 14 13
14 14 12 6 32 10 11 16 8 7 17 17 11 11 6 13 12 13 11 10 7 13 12 7 12 12
7 14 17 17 11 25 8 8 12 8 8 1113 11 12 10 8 13 8 13 14 10 11 9 20 17 15
36 9 13 14 39 33 36 9 10 10 12 18 19 13 9 14 44 10 8 14 9 8 20 11 11
11 11 10 9 9 9 8 8 8 8 9 11 9 23 11 9 16 31 8 20 8 13 12 8 16 10 9 33
27 23 22 10 8 12 10 8 14 8 8 32 55 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9 39 33 7 8
27 7 5 13 7 15 28 25 60 42 12 31 22 20 12 3 4

Таких гаплотипов в мире определено пока всего несколько десятков, так что практическая польза от них пока невелика, за исключением нескольких специальных случаев, которые будут пояснены ниже.

В академических публикациях по популяционной генетике, впрочем, пока продолжают использовать гаплотипы от 8– до 17-маркерных, и лишь в крайне редких случаях более протяженные, и это тот случай, когда «любители» далеко обогнали профессионалов. Хотя те «любители» на самом деле зачастую намного квалифицированнее профетоионалов, это просто профессионалы называют тех «любителями», чтобы не признавать свое колоссальное отставание и интеллектуальный застой в популяционной генетике. Этого вопроса мы коснемся ниже, его не обойти при изложении ДНК-генеалогии.

Вопрос 15. **После изложения основ ДНК-генеалогии и ее отличий от популяционной генетики, подведите, пожалуйста, итоги по значимости ДНК-генеалогии, о том, как она появилась и какие в этой области Ваши самые значимые публикации.**

Итак, речь здесь идет о новой науке, которая только создается, основы которой только закладываются в последние годы. Если точнее, то основы этой новой науки уже созданы, причем стремительно[16], и идет прогрессивное накопление экспериментального материала.

[16] Klyosov, A.A. (2008) Basic rules of DNA genealogy (Y-chromosome). Mutation rates and their calibration. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1, No. 1,3-53; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256; Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, 126, 719–724; Rozhan-skii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34; Клёсов, А.А. (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, № 5, 636–653; Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Advances in Anthropology, 2, No. 1, 1-13; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105; Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, 2, No. 3, 139–156; Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86; Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198–213; Klyosov, A.A., Mironova, E.A. (2013) A DNA genealogy solution to the puzzle of ancient look-alike ceramics across the world. Advances in Anthropology, 3, No. 3, 164–172; Klyosov, A.A., Tomezzoli, G.T. (2013) DNA genealogy and linguistics. Ancient Europe. Advances in Anthropology, 3, No. 2, 101–111; Klyosov, A.A. (2014) Reconsideration of the «Out of Africa» concept as not having enough proof. Advances in Anthropology, 4, No. 1, 18–37; Клёсов, А.А. (2014) Опыт работы с ККК (калькулятором Килина-Клёсова) расчета времен до общих предков ^yRCA), основанный на модели случайных блужданий и с использвоанием 111 индивидуальных констант скоростей мутаций. Часть 1. Вестник

Новый материал поступает потоком, ежедневно в базы данных уходят десятки и сотни новых «экспериментальных точек», которые по принципу обратной связи корректируют методологию новой науки, что приводит к уточнению методов расчета.

Имя этой науки – ДНК-генеалогия. Ее экспериментальные данные – это картина мутаций в нерекомбинантных участках мужской половой хромосомы (на самом деле – и в митохондриальной ДНК, но в этой книге речь пойдет в основном о Y-хромосоме, более информативной для исторических исследований), причем картина мутаций как в Y-хромосомах отдельных людей, так и их групп, популяций. Методология новой науки – перевод динамической картины мутаций в хронологические показатели, во времена жизни общих предков популяций, а на самом деле – общих предков древних родов и племен. То есть фактически производится расчет времен, когда в древности жили эти рода и племена[17]. Более того, расчеты показывают, как эти времена меняются от территории к территории, что может указывать на направления древних миграций[18].

Мутации, рассматриваемые в ДНК-генеалогии – это или одиночные (как правило) замены нуклеотидов в ДНК, как, например, аденин на цитозин, или цитозин на тимин, или вставки нуклеотидов, или делеции, или мутации более сложные, при которых ошибка копирующего фермента приводит к переносу в Y-хромосоме целого блока нуклеотидов, тандемного, как его порой называют. Это дает или удлинение серии таких блоков на один (редко – сразу на два-три блока), или их укорачивание. Первые мутации – SNP (Single Nucleotide Polymorphism, или в переводе «одиночные нуклеотидные вариации»), или «снипы», обычно очень стабильны, и их для ДНК-генеалогии отбирают только такие, которые случаются только один раз (два раза – максимум) за историю человечества. Поэтому

Академии ДНК-генеалогии, т. 7, № 4, 626–638; Клёсов, А.А. (2014) Опыт работы с ККК (калькулятором Килина-Клёсова) расчета времен до общих предков ^yRCA), основанный на модели случайных блужданий и с использованием 111 индивидуальных констант скоростей мутаций. Часть 2. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 7, № 5, 758–769; Klyosov, A.A. (2014) Reconsideration of the «Out of Africa» concept as not having enough proof. Advances in Anthropology, 4, No. 1, 18–37; E. Elha1k, T.V. Tatarinova, A.A. Klyosov, D. Graur (2014) The ‘extremely ancient' chromosome that isn't: a forensic bioinformatic investigation of A1bert Perry's X-degenerate portion of the Y chromosome. European Journal of Human Genetics 22, 1111–1116; S. To-fanelli, L. Taglioli, S. Bertoncini, P. Francalacci, A. Klyosov, L. Pagani (2014) Mitochondrial and Y chromosome haplotype motifs as diagnostic markers of Jewish ancestry: a reconsideration. Frontiers in Genetics, 5, Article 384. doi: 10.3389/fgene.2014.0038410; Klyosov, A.A. A Comment on the Paper: Were the First Europeans Pale or Dark Skinned? Advances in Anthropology, vol. 4, No. 4, 222–226, 2014; Klyosov, A.A. (2014) Clarifying the ‘African Eve' Concept. Rock Art Research, v. 31, No. 2, 146–148; Клёсов, А.А., Тюняев, А.А. Происхождение человека (по данным антропологии, археологии, ДНК-генеалогии), М., Белые Альвы, 2010, 1020 стр.; Клёсов, А.А. (2013) Происхождение славян. М., Алгоритм, 511 с.; Клёсов, А.А. (2013) Занимательная ДНК-генеалогия. М., Вече, 168 с.; Клёсов, А.А., Пензев, К.А. (2014) Арийские народы на просторах Евразии (М, изд. «Книжный мир»), 351 стр.

[17] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216. Rozhanskii I.L., Klyosov A.A. (2011) Mutation Rate Constants in DNA Genealogy (Y Chromosome). Advances in Anthropology, 1, No.2, 26–34.

[18] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256; Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, 126, 719–724; Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34; Клёсов, А.А. (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, № 5, 636 – 653; Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. Advances in Anthropology, 2, No. 1, 1-13; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105; Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, 2, No. 3, 139–156;

они являются маркерами родов человечества. Примеры будут даны ниже.

Мутации второго типа – STR (Short Tandem Repeats, или «короткие тандемные повторы») – значительно более быстрые, и происходят в определенных участках, или локусах, или маркерах (это все синонимы) Y-хромосомы ДНК раз в несколько десятков или сотен поколений. Набор этих маркеров составляет гаплотип, примеры гаплотипов будут даны ниже. Гаплотип – это по сути цепочка чисел, показывающих число повторов в определенных маркерах.

Естественно, чем длиннее гаплотип, тем выше вероятность того, что в нем произойдет мутация. Мы уже поясняли выше, что мутация в гаплотипах – это результат ошибки в копировании блоков нуклеотидов, тех самых «коротких тандемных повторов», биологической системой копирования ДНК в клетке. Поскольку этих «коротких тандемных повторов» в Y-хросомоме многие тысячи (выше показано 431 таких повторов, и это только среди 10 миллионов нуклеотидов Y-хромосомы, этот размер определяется методологией исследования; всего же в Y-хромосоме примерно 58 миллионов нуклеотидов, или, точнее, нуклеотидных пар, но не будем здесь вдаваться в излишние подробности). Отсюда можно заключить, что таких «тандемных повторов» в Y-хромосоме может быть примерно 2500, и это, видимо, максимально возможный размер гаплотипа. Каждый «тандемный повтор», то есть маркер, мутирует, то есть копирующая система ошибается при копировании протяженных гаплотипов, с вероятностью примерно 0.00178 раз в поколение при протяженнности поколения 25 лет, или раз в 560 поколений, или раз в 14 тысяч лет. Здесь надо сделать два замечания. Во-первых, эта скорость мутации, раз в 14 тысяч лет – средняя величина, рассчитанная по большому числу маркеров. Чем короче гаплотип, тем реальная скорость мутации более отклоняется от средней величины. Во-вторых, величина поколения в 25 лет в ДНК-генеалогии называется условным поколением, она – сугубо математическая величина. Если кому-то больше нравится брать 30 лет за поколение, то вероятность мутации на 30 лет составит примерно 0.00214, или раз в 468 поколений (по 30 лет), или раз в 14 тысяч лет. Как видим, конечный результат получается точно такой же. Более подробно это будет показано ниже.

Поэтому долгие споры, которые популяционные генетики ведут уже многие десятилетия, а именно, сколько лет брать на поколение, не имеют большого смысла, да ни к чему так и не привели. Они просто не очень знакомы с понятием константы скорости мутации (k), а она в расчетах всегда помножена на протяженность поколения (t). Поэтому протяженность поколения нельзя брать произвольно, как захотим, она завязана на константу скорости мутации. Если взять 25 лет на поколение для одной константы скорости мутации, 30 лет – для другой константы, 20 лет на поколение для еще одной константы, но конечный результат получается один и тот же. Потому что это произведение (kt) калибруется по известным генеалогиям и историческим событиям.

Как было отмечено выше, мутация в каждом маркере в среднем происходит раз в 14 тысяч лет, но в гаплотипах, то есть определенных наборах маркеров, мутации происходят со следующими средними скоростями:

– в 6-маркерном гаплотипе она происходит (на весь гаплотип) в среднем раз в 135 условных поколений, или раз в 3380 лет (в этом коротком гаплотипе маркеры мутируют более медленно, чем в других гаплотипах),

– в 12-маркерном – раз в 50 поколений, или в 1250 лет,

– в 25-маркерном – раз в 22 поколения, или в 550 лет,

– в 37-маркерном – раз в 11 поколений, или в 275 лет,

– в 67-маркерном – раз в 8 поколений, или в 200 лет,

– в 111-маркерном – раз в 5 поколений, или в 125 лет,

– в 431-маркерном гаплотипе – примерно раз в поколение, или, точнее, раз в 33 года.

Ясно, что мутаций в протяженных гаплотипах будет больше, чем в коротких за тот же промежуток времени, и изучение истории популяций, принимая в расчет число мутаций, случившихся со времени жизни общего предка популяции, будет точнее.

Поясним это на простом примере. У автора этих строк есть коллега, родом из Белоруссии, и, как показали исследования, мы с ним принадлежим не только к одному роду, то есть не только к одной гаплогруппе (это будет пояснено ниже), но и к одному славянскому племени. Мы не знаем точно, как оно называлось в древности – поляне, или древляне, или вятичи, или кривичи (а кривичи были как минимум смоленские, изборские и северные), или дреговичи, полочане, ильменские словене, радимичи, северяне, волыняне или бужане, тиверцы, уличи, белые хорваты или какие другие. В ДНК-генеалогии наше племя (или племена) носит название «восточно-карпатская ветвь гаплогруппы R1a», и дальше идут символы, детализирующие восточно-карпатскую ветвь на много уровней, на которые расходилось это племя, продолжая ДНК-линию патриарха племени, то есть сохраняя в своей Y-хромосоме специфические, уникальные мутации патриарха. Естественно, чем древнее жил патриарх, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с его гаплотипом.

Так вот, в 6-маркерном формате наши с коллегой из восточнокарпатской ветви гаплотипы выглядят так:

16 12 24 11 11 13
16 12 **25** 11 11 13

Между ними – одна мутация, что соответствует 1/0.0074 = 135 → 156 условных поколений, или 3900 лет, то есть наш общий предок жил примерно 3900/2 = 1950 лет назад. Надо отметить, что 6-маркерные гаплотипы весьма неточны, для показа чего и служит этот иллюстративный пример. Здесь 0.0074 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутации для 6-маркерных гаплотипов, стрелка – табличная поправка на возвратные мутации[19].

В 12-маркерном формате:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30
13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **29**

Здесь между двумя гаплотипами уже три мутации, что дает 3/0.02 = 150 → 176 условных поколений, или 4400 лет, то есть общий предок жил примерно 2200 лет назад. Здесь 0.02 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутаций для 12-маркерных гаплотипов. Вариация датировок, примерно 13 %, находится в пределах обычной погрешности расчетов, хотя гаплотипы короткие, мутаций мало.

В 25-маркерном формате:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16
13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13 11 **29 15** 9 10 11 11 **25** 14 20 **32 12** 15 **15** 16

Здесь между двумя гаплотипами 9 мутаций (мутации между последними четверками гаплотипов считаются по определенным правилам, для так называемых мультикопийных маркеров, там всего две мутации), что дает 9/0.046 = 196 → 242 условных поколений, или 6050 лет, то есть общий предок жил примерно 3025 лет назад. Здесь 0.046 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутаций для 25-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым трем форматам гаплотипов уже заметна, и достигает 55 % (1950, 2200, и 3025). Может показаться, что чем длиннее гаплотипы, чем древнее общий предок, но это не так. В

[19] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186-216

37-маркерном формате

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15
16 16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10
13 11 **29 15** 9 10 11 11 **25** 14 20 **32 12** 15 **15** 16 11 11 19 23 15 16 17
19 35 42 13 11

между двумя гаплотипами 14 мутаций, что дает 14/0.09 = 156 → 184 условных поколений, или 4600 лет, то есть общий предок жил примерно 2300 лет назад. Здесь 0.09 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутаций для 37-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым четырем форматам гаплотипов (1950, 2200, 3025, 2300 лет до общего предка) уже начала стабилизироваться.

В 67-маркерном формате

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16
16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22
22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 13 **25** 16 11 11 **14**
12 12 10 13 11 **29 15** 9 10 11 11 **25** 14 20 **32 12** 15 **15** 16 11 11 19 23
15 16 17 **19 35 42 13** 11 11 **8** 17 17 8 **12** 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12
12 13 8 **14 22** 21 12 **12** 11 13 11 11 12 13

между двумя гаплотипами 19 мутаций, что дает 19/0.12 = 158 → 187 условных поколений, или 4675 лет, то есть общий предок жил примерно 2340 лет назад. Здесь 0.12 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутаций для 67-маркерных гаплотипов. Вариация датировок по первым пяти форматам гаплотипов (1950, 2200, 3025, 2300, 2340 лет до общего предка) еще более стабилизировалась.

В 111-маркерном формате
13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16
16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22
22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 31 15 9 15 12 25
27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10 18 15 20 12
24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11 13 **25** 16 11 11 **14** 12 12 10 13
11 **29 15** 9 10 11 11 **25** 14 20 **32 12** 15 **15** 16 11 11 19 23 15 16 17 **19**
35 42 13 11 11 **8** 17 17 8 **12** 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **14**
22 21 12 **12** 11 13 11 11 12 13 31 **14** 9 15 12 25 27 19 12 12 12 12 10 9
12 11 10 11 **11** 30 12 14 25 13 9 10 **19** 15 20 **11 23 16** 12 15 **25** 12 23
19 11 15 17 9 11 11

между двумя гаплотипами 26 мутаций, что дает 26/0.198 = 131 → 150 условных поколений, или 3750 лет, то есть общий предок жил примерно 1875 лет назад, в начале нашей эры. Здесь 0.198 мутаций на гаплотип – контанта скорости мутаций для 111-маркерных гаплотипов.

Заметим, что чем длиннее гаплотип, тем более стабилизуется константа скорости мутации в расчете на маркер. Для 67-маркерных гаплотипов она равна 0.12/67 = 0.00179 мутаций на маркер, для 111-маркерных гаплотипов она равна 0.198/111 = 0.00178 мутаций на маркер, и если для 409 маркерных гаплотипов она тоже равна 0.00178 мутаций на маркер, то скорость мутаций равна 0.00178x409 = 0.728 мутаций на весь гаплотип. Проверим это. В 409-маркерных гаплотипах между гаплотипами двух упомянутых коллег 95 мутаций

10 12 15 15 10 10 8 8 9 13 7 8 10 10 13 14 14 15 31 32 11 10 9 9 8 24

17 17 8 8 8 16 22 22 24 21 23 14 16 25 28 15 15 6 11 10 14 15 8 14 11
12 10 11 10 10 11 11 18 10 12 10 7 10 5 8 9 5 5 11 15 8 29 6 7 10 13 11
6 7 7 16 10 11 16 22 23 11 12 12 10 7 12 12 13 7 3 20 18 11 11 8 9 13 13
10 11 22 12 16 13 14 11 11 12 10 12 9 13 9 12 11 12 16 7 14 12 10 9 10
4 7 7 13 13 12 11 9 11 10 11 14 8 4 8 6 11 11 16 9 11 13 19 12 12 9 10 9
9 11 11 9 9 14 14 15 9 7 10 12 14 13 14 14 12 6 32 10 11 16 8 7 17 17 11
11 6 13 12 13 11 10 7 13 12 7 16 11 15 12 13 30 24 11 11 13 12 12 9 11
12 14 11 10 12 12 15 12 12 20 34 8 12 11 15 16 9 10 11 11 12 15 15 16
16 7 14 17 17 11 25 8 8 8 12 8 8 23 11 15 13 11 12 12 10 9 15 15 8 13 8
13 15 12 14 10 11 17 10 9 12 20 17 15 36 21 9 10 13 10 14 39 33 36 9
11 12 12 13 11 10 10 12 12 18 19 13 9 14 44 10 12 8 14 24 9 12 15 8 15
20 11 11 21 11 11 10 10 17 9 9 9 9 8 8 8 8 9 12 8 11 15 10 9 23 11 16 9
16 31 8 20 8 13 12 8 16 10 9 33 27 23 22 10 9 8 23 11 12 11 10 11 10 8
11 14 8 8 20 32 55 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9 39 33 7 8 27 7 5 13 7 15 28
25 31 60 18 42 25 24 12 31 22 20 12 12 3 4 14 11 10 12 15 15 10 10
8 8 9 13 7 8 10 10 13 14 14 **14** 31 32 11 10 9 9 8 24 17 17 8 8 8 **8 23**
23 24 21 **22 15 15** 25 28 15 **16** 6 11 10 **13 14** 8 14 11 12 10 11 10 **11**
11 11 18 10 12 **11** 7 10 5 8 9 5 5 11 **16** 8 29 6 7 10 13 11 6 7 7 16 10 **10**
16 22 23 11 **11 13** 10 7 12 12 13 7 3 **19 20 10** 11 8 9 13 **12** 10 11 22 **11**
15 14 14 11 11 12 10 12 9 **12** 9 12 **12 11** 16 7 14 **13** 10 9 **9** 4 7 7 13 **14**
12 11 9 11 10 11 14 8 4 8 6 11 11 16 9 11 13 19 12 12 9 10 9 9 11 11 9 9
9 14 14 **14** 9 7 10 12 14 13 14 14 12 6 32 10 11 16 8 7 17 17 11 11 6 **12**
12 **14** 11 10 7 13 12 7 16 11 **14** 12 13 **29 25** 11 11 13 12 12 9 11 12 14 11
10 **13** 12 **14** 12 12 20 **32** 8 12 11 15 **15** 9 10 11 11 **11 12** 15 16 **15** 7 14
17 **16** 11 25 8 8 8 12 8 8 **22** 11 **14** 13 11 12 12 10 9 15 15 8 13 8 13 **16**
12 **15** 10 11 17 10 9 12 **19 14** 15 **38** 21 9 10 **16** 10 **13** 39 **34 35** 9 11
11 12 13 **12** 10 10 12 12 **17 20** 13 9 14 **43 12** 12 8 14 **25** 9 12 15 8 15
21 11 11 **19** 11 11 10 10 17 9 **8** 9 9 8 8 8 8 9 12 8 11 15 10 9 **22** 11 16
9 **15 32 7 19** 8 13 12 8 **18** 10 9 33 **28** 23 22 10 9 8 23 11 12 11 10 11
10 8 11 14 8 8 **19** 32 **48** 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9 39 **32** 7 8 27 7 5 **12** 7
15 **29 22** 31 **45 19** 42 25 **23** 12 **32** 22 20 12 **11** 3 4 14 11

то есть дистанция между ними равна 95/0.728 = 130 → 149 условных поколений, или 3725 лет, и общий предок жил примерно 1860 лет назад. Это практически полностью совпадает с 1875 лет до общего предка, что рассчитано по 111-маркерным гаплотипам. Но и другие оценки на самом деле находятся в пределах погрешностей расчетов. Давайте рассмотрим это более детально. Если формально рассчитать погрешности, то данные для времени жизни нашего с коллегой общего предка (из восточно-карпатской ветви гаплогруппы R1a) выглядят следующим образом:

6-маркерные гаплотипы, 1950±1950 лет назад
12-маркерные 2200±1290 лет
25-маркерные 3025±1050 лет
37-маркерные 2300±660 лет
67-маркерные 2300±575 лет
111-маркерные 1875±510 лет
409 маркерные 1860±270 лет назад

Все эти данные не противоречат тому, что наш с ним общий предок жил в начале нашей эры, но с укорачиванием гаплотипа погрешность определения растет.

Надо сказать, что здесь даются упрощенные примеры, потому что по двум гаплотипам расчеты обычно не ведут, ведут по десяткам и сотням гаплотипов, если таковые есть в

наличии, рассчитывают математические погрешности в определяемых цифрах, и т. д. В таких случаях погрешности расчетов приближаются к плюс-минус 10 % от определяемой величины. Здесь только иллюстрируется принцип расчета.

Ясно, что у протяженных гаплотипов 111-маркерных гаплотипов разрешение лучше (400-маркерные гаплотипы пока крайняя редкость). Но их определять дороже, чем более короткие, поэтому в академических исследованиях, при постоянной нехватке денежных средств, приходится работать с более короткими гаплотипами. Длинные гаплотипы определяют в коммерческих компаниях, обычно персонально, каждый для себя, и передают, как правило, в общественные базы данных. Сейчас в общественных базах данных – сотни тысяч гаплотипов, и базы прирастают многими гаплотипами ежедневно.[20]

Несколько опережая изложение в данной Части, сообщим, что примеры характерных 6-маркерных гаплотипов ветвей гаплогруппы R1a (как правило, славянских ветвей, выходцев с Русской равнины) следующие:

16 12 25 11 11 13 Центрально-евразийская ветвь
16 12 25 11 11 13 Ветвь Русской равнины
16 12 25 11 11 13 Северо-евразийская ветвь
16 12 25 11 11 13 Западная евразийская ветвь
16 12 25 11 11 13 Балтийская ветвь
16 12 25 11 11 13 Восточно-карпатская ветвь
16 12 25 11 11 13 Младшая арийская ветвь (индоарии)
16 12 25 11 11 13 Арабская ветвь (потомки митаннийских ариев)
16 12 25 11 11 13 Иранская ветвь
16 12 25 10 11 13 Центрально-европейская ветвь
16 12 25 10 11 13 Балто-карпатская ветвь
16 12 24 11 11 13 Юго-восточная (арийская) ветвь
15 12 25 10 11 13 Западно-карпатская ветвь
15 12 25 11 11 13 Северо-европейская ветвь
17 12 25 11 11 13 Северо-карпатская ветвь
17 12 25 10 11 13 Восточно-славянская ветвь
17 12 24 11 11 13 Младшая центрально-евразийская ветвь

Мы видим, что ветви настолько близкие по происхождению, что первые 9 гаплотипов из 17 в 6-маркерном формате не разделяются. Только в некоторых случаях можно условно определить, к какому наследственному ДНК-роду, то есть гаплогруппе, относятся ветви гаплогруппы R1a. Но разница между ветвями тем больше, чем протяженнее гаплотипы. Обычно в ДНК-генеалогии стараются работать с 67– и 111-маркерными гаплотипами.

Гаплогруппа – это род, который почти во всех указанных примерах в гаплогруппе R1a у славян имеет общего предка примерно 4900 лет назад, у отдельных ветвей – от 5200 лет назад (у предковой арийской ветви) до 2000 лет назад и меньше, то есть начинается только в новой эре. Ниже о родах-гаплогруппах будет пояснено значительно более подробно.

Как мы покажем ниже, гаплотипы, а именно числа в них, называемые аллели, напрямую связаны с хронологией древних миграций людей, переходами людей на новые места, событиями прошлого – войнами, климатическими катаклизмами, эпидемиями, в

---

[20] http://r1a.org/irakaz-v03.xls, http://r1a.org/, / Интернет-сайт «R1a»; http://www.ysearch.org/, http://www.smgf.org/pages/ydatabase.jspx / Интернет-сайт «A Free Public Service from Family Tree DNA»; http://www.familytreedna.com/public/R1 aY-Haplogroup/default.aspx?section=yresults, http:// www.familytreedna.com/public/R1a/default.aspx?section=yresults, / Интернет-сайт «Family Tree DNA»; Klyosov A. A., Rozhanskii I. L. Re-Examining the «Out of Africa» Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy (2012). Advances in Anthropology, 2, No.2, 80–86 http://dx.doi. org/10.4236/aa.2012.22009 (список баз данных дан в конце статьи)

общем, со всем тем, что так или иначе влияло на численность популяций человека в определенные времена и на определенных территориях. Например, расчеты могут показать когда древние арии появились на Русской равнине, когда они появились в Индии, Иране, Афганистане, на Ближнем Востоке, в Европе – потому что эти события приводили к появлению на этих территориях и в те времена общих предков популяций, которые разрастались вплоть до нашего времени, образуя «кусты» гаплотипов со всеми мутациями в них, то есть изменениями чисел в маркерах.

Столь относительно небольшое время до общего предка двух наших коллег из восточно-карпатской ветви[21], около двух тысяч лет назад (см. выше), нашло объяснение при более глубоком исследовании – оказалось, что они оба по предкам принадлежат не только к «ветви R1a Русской равнины» и несут необратимые метки в Y-хромосоме, характерные для этой ветви (это – метка под названием Z280, время образования примерно 4900 лет назад), но и более специфические «нижеследующие» метки, которые в классификации имеют названия CTS1211 (время образования примерно 4300 лет назад), CTS3402 (время образования примерно 3800 лет назад), Y33 (время образования примерно 3600 лет назад), CTS8816 (время образования примерно 3500 лет назад), далее Y2902 (время образования примерно 2100 лет назад), которая и маркирует восточно-карпатский род. Вот от предка этого рода (или, может, на ступеньку ниже, пока не идентифицированного) и расходятся гаплотипы наших двух коллег, насчитывая между ними 26 мутаций в 111-маркерных гаплотипах, и 95 мутаций в 409-маркерных гаплотипах.

Итак, кроме гаплотипов (и обратимых мутаций в них) наши ДНК несут практически необратимые метки, называемые «снипы» (см. выше, SNP), которые фактически помечают рода и племена, которые, как правило, состоят из потомков одного древнего общего предка, патриарха рода. Если племя «составное», то ветви племени, происходящие из разных родов, легко выявляются по гаплотипам. Вполне возможно, что древним племенем, из которого вышел общий предок двух наших коллег, гаплотипы которых мы рассмотрели выше, и которое получило условное название «восточно-карпатская ветвь», окажется одно из хорошо нам известных древнеславянских племен, но пока соответствующей «калибровки» не проведено. Мы пока не знаем, какие у тех древнеславянских племен были гаплотипы и субклады, но скоро непременно узнаем, при анализе ДНК их ископаемых костей.

Расчеты, приведенные выше, оказались возможными, потому что уже показано и доказано, что мутации в маркерах происходят в основном (или исключительно) неупорядоченно, и к ним оказалось возможным применять правила и подходы химической кинетики, или биологической кинетики, кому какой термин больше нравится – суть одна. Маркеры мутируют по законам кинетики первого порядка, других закономерностей пока не обнаружено. Это означает, что каждому маркеру свойственна определенная константа скорости мутации, и каждому гаплотипу (состоящему, как мы уже знаем, из набора маркеров) – тоже свойственна определенная средняя константа скорости мутации, равная сумме констант скоростей мутаций отдельных маркеров. Поэтому чем древнее общий предок популяции, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах его потомков по сравнению с ним, тем больше поколений (и лет) отделяет современных потомков от их общего предка, и это число поколений (и лет) рассчитывается методами ДНК-генеалогии.

Поскольку ДНК-генеалогия – наука новая, коротко опишем ее историю, и проиллюстрируем ее надежность и обоснованность. Иначе мы рискуем, что читатель отнесется к ней с недоверчивостью и скептицизмом – мало ли что кто может напридумывать…

ДНК-генеалогия заявила о себе как о новой научной дисциплине всего восемь лет назад, в 2008 году. Начало было положено обширным анализом в рамках новой науки в то

---

[21] Rozhanskii, I.L. and Klyosov A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Advances in Anthropology, v. 2, No. 3, 139–156.

время протяженных (25-маркерных) гаплотипов гаплогруппы R1a Y-хромосомы европейского мужского населения, с расчетом времен жизни общих предков по странам и регионам (результаты были опубликованы в третьем выпуске журнала «Вестник Российской Академии

ДНК-генеалогии» в августе 2008 года). Было показано, что мужское население (гаплогруппы R1a) современной Германии имеет общего предка примерно 4600 лет назад, и базовый (предковый) гаплотип его был следующий:

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 **20** 32 12 15 15 16

25 ноября того же года, то есть через три месяца, вышла статья Haak et al.[22], в которой были описаны ископаемые гаплотипы гаплогруппы R1a, найденные в местечке Эулау, Германия, с датировкой 4600 лет назад. Ископаемые гаплотипы имели вид

13/14 25 16 **11** 11 14 X X 10 12/13 X 30 14/15 X X X X X 14 **19** X X X X X

(двойные числа в ископаемых гаплотипах – это те, которые точно определить не смогли, здесь возможны варианты). Знаки X указывают на пропущенные аллели в ископаемых гаплотипах. Только две аллели (числа в гаплотипах выше) различались на один шаг, 10 и 11 в четвертом положении (DYS391), и 19 и 20 ближе к концу гаплотипа (DYS 448). Это вполне естественно, никто не мог утверждать, что найденные в захоронении останки принадлежали именно первопредку «германских» R1a, тем более что там была целая семья. Две мутации разницы по расчетам в рамках ДНК-генеалогии дают всего несколько сотен лет расстояния между ними, что укладывается в диапазон погрешности расчетов[23].

Со времени этого первого положительного испытания и демонстрации практического совпадения расчетов и археологических датировок, то есть с лета 2008 года, и начался отсчет новой науки ДНК-генеалогии.

Продолжая пример, покажем, как проводился расчет и на основании чего. В те времена, 2008-й год, в академической литературе использовались в основном гаплотипы от 6– до 10-маркерных, были известны 12-маркерный (в номенклатуре компании FTDNA, что расшифровывается как Family Tree DNA) и 17-маркерный гаплотип, который был введен в практику в 2006 году, но для хронологических расчетов они практически не использовались. Короткие же гаплотипы обрабатывались популяционными генетиками с применением «популяционной» скорости мутации, которая была ужасающе неверна, и завышала датировки обыкновенно на 250–350 %[24].

В подходе ДНК-генеалогии 2008 года строилось дерево гаплотипов для проверки на общую симметричность, то есть на отсутствие выраженных ветвей. Принципы построения подобных деревьев будут объяснены ниже. Сейчас можно пояснить, что выраженные ветви на дереве гаплотипов означают, что у них был свой отдельный общий предок, и его нужно датировать отдельно, разделяя ветви. Иначе получится «два землекопа и две трети». Иными

---

[22] Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike, A.W.G., Meller, H., Alta, K.W. (2008) Ancient DNA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. Proc. Natl. Acad. Sci. US., 105, 18226-18231.

[23] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216.

[24] Клёсов *А.А.* Происхождение славян. М, Алгоритм, 2013, глава 16.

словами, если в относительно недавнее время некто из данного рода (отраженного на дереве) дал особенно обильное потомство – например, передвинулся в дальние благодатные края, без войн и эпидемий, то дерево окажется гипертрофированным, та «благодатная» ветвь со своим общим предком (тот «некто», который передвинулся в дальние края) будет резко выделяться на дереве, и такое дерево нельзя усреднять по мутациям «поперек ветвей». Грамотный анализ дерева покажет, что, например, патриарх всего дерева жил 2500 лет назад, а этот «некто», основатель отдельной ветви, жил всего 600 лет назад. Так и надо представлять данные.

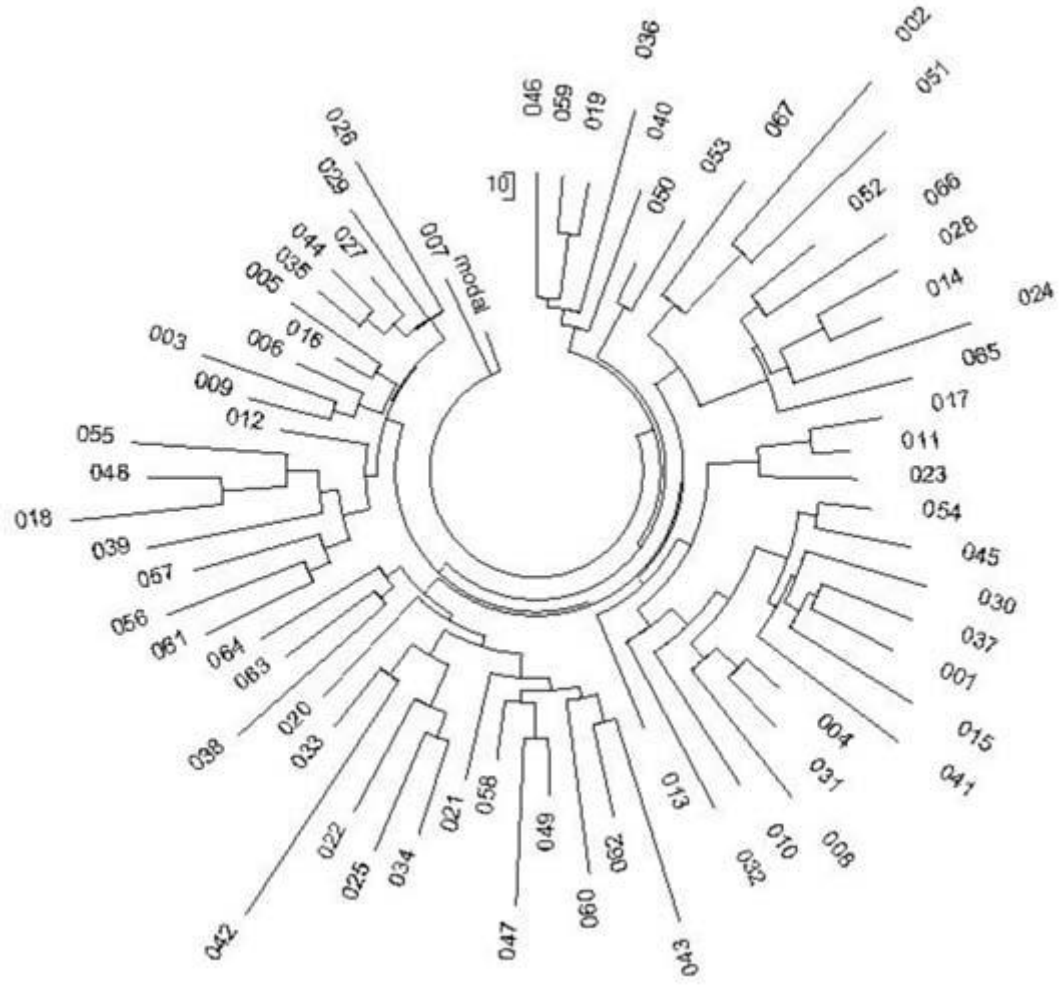


Рис. 1. Дерево из 67 гаплотипов современных немцев гаплогруппы R1a в 25-маркерном формате (Клёсов, 2008) [25].

Если же усреднять поперек всего дерева, то получится, что якобы общий предок всего дерева жил, например, 1200 лет назад (или любое число между 2500 и 600 лет назад). Как видим, этот «общий предок» оказывается фантомным, и такие некорректно полученные результаты искажают выводы работы. К сожалению, так обычно работают популяционные генетики. Именно так, обрабатывая большую серию гаплотипов евреев, они получили якобы возраст якобы общего предка современных евреев (гаплогруппы J1) как 3200 лет назад, и объявили, что это время исхода евреев из Египта (точнее, когда жил Аарон, первосвященник). На самом деле в их исходных данных было две серии гаплотипов, с общими предками 4000 и 1000 лет назад, но авторы работы на ветви гаплотипов не смотрели

[25] Klyosov, A.A. (2008) Basic rules of DNA genealogy (Y-chromosome). Mutation rates and their calibration. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1, No. 1,3-53.

26.

Возвращаемся к дереву немецких гаплотипов образца 2008 года (рис. 1). Ниже будет показано, как получаются такие деревья и как их понимать. Здесь отметим, что дерево на рис. 1 показывает общую симметричность (множество мелких ветвей в нем можно анализировать по отдельности, но опыт показывает, что итоговый результат будет практически такой же), и его можно количественно обрабатывать как единую систему, то есть что все 67 гаплотипов происходят от одного общего предка. На все 67 гаплотипов в 12-маркерном формате имелось 208 мутаций от приведенного выше базового гаплотипа, и в 25-маркерном формате – 488 мутаций. В первом случае получаем 208/67/0.02 = 155^183 условных поколений (по 25 лет) от общего предка (напомним, что стрелка указывает на поправку на возвратные мутации), то есть **4575±560 лет** до общего предка. Во втором случае, для 25-маркерных гаплотипов, получаем 488/67/0.046 = 158 ^187 условных поколений, то есть **4675±510 лет** до общего предка. Как видим, **совпадение почти абсолютное для расчетов по 12– или 25-маркерным гаплотипам** . Надо сказать, что уже в первом выпуске Вестника, в июне 2008 года, проводились многочисленные расчеты для 37– и 67-маркерных гаплотипов, что тогда было неслыханно. Результаты всех этих расчетов верны до настоящего времени.

Надо сказать, что неопытный читатель тут же запротестует, что, мол, как можно по всей Германии, или любому другому региону судить по каким-то 67 гаплотипам, а там живут миллионы человек. Эта тема была подробно, с экспериментальными данными проанализирована в ДНК-генеалогии, и объяснена в ответе на Вопрос 37, где был задан риторический встречный вопрос – чтобы понять, что море соленое, нужно ли пробовать воду из всех бухточек? А как же химики делают анализ растворов, беря пробу всего лишь в долю миллилитра из ведра, цистерны, озера? Когда делают анализ крови, что, всю кровь из вас выкачивают? Нет. Значит, вопрос о размере пробы поставлен некорректно. Вопрос на самом деле сводится к тому, равномерно ли перемешана система, чтобы по малой пробе, или выборке, судить о всей системе.

26 Эти примеры подробно разобраны в книге Клёсов А.А. Происхождение славян. М., Алгоритм, 2013, глава 16.

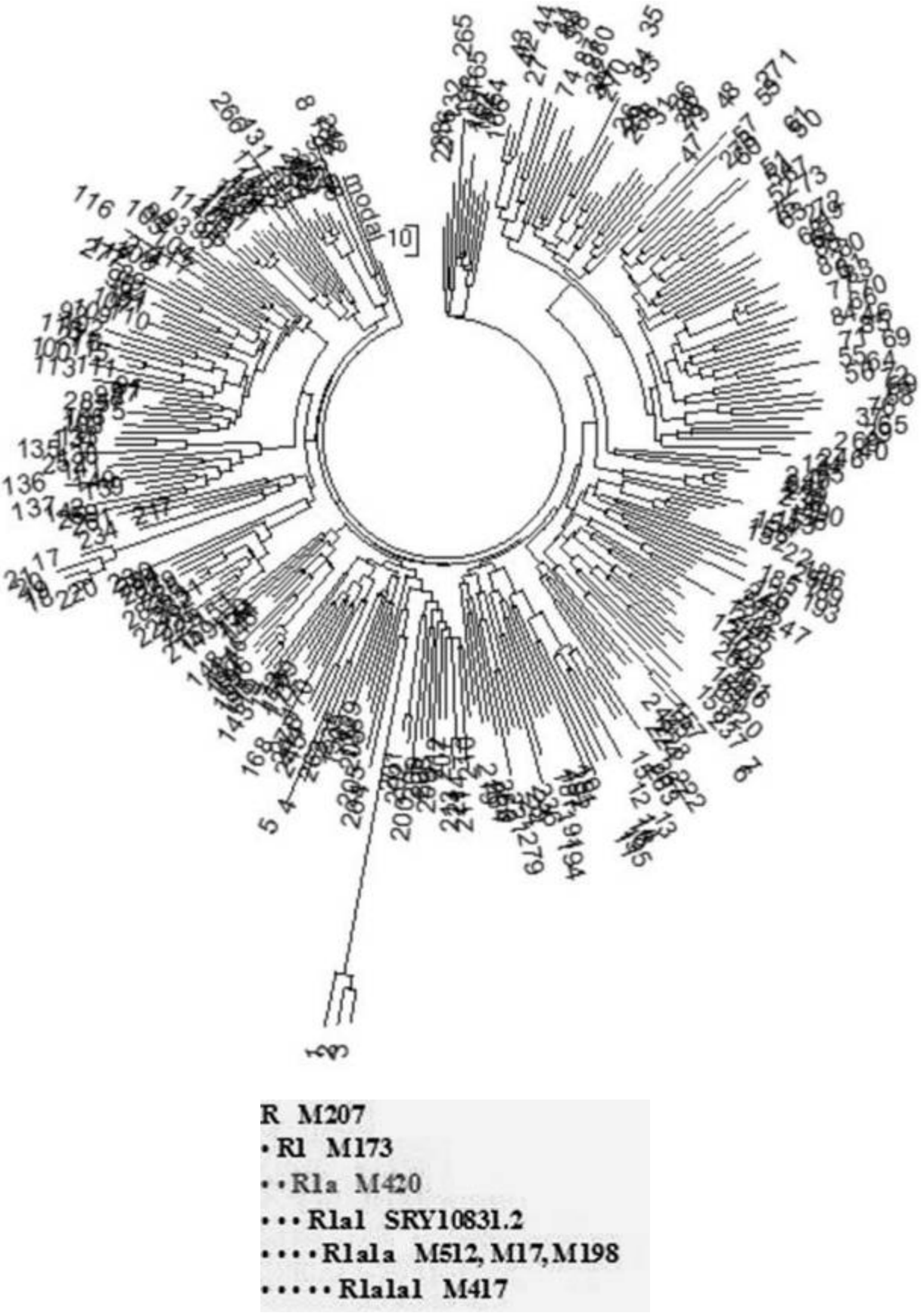


Рис. 2. Дерево из 286 гаплотипов современных немцев гаплогруппы R1a в 67-маркерном формате (база данных IRAKAZ-2015). Три гаплотипа внизу (номера 1, 2, 3) относятся к древнейшему субкладу гаплогруппы, R1a-M420, и в расчеты (см. текст) не включались. Все остальные гаплотипы относились к субкладу M417 (см. диаграмму) и нижестоящим субкладам (на диаграмме не показаны, их несколько десятков). Расчеты

проводили на калькуляторе Килина-Клёсова, поскольку ручной расчет системы с более чем 22 тысячи аллелей слишком трудозатратен.

Продолжая это рассмотрение, рассмотрим выборку по Германии уже 2015 года. Теперь в ней 286 гаплотипов в 67– и 65 гаплотипов в 111-маркерном формате (база данных IRAKAZ-2015). Выше – дерево 67-маркерных гаплотипов.

В подписи к рис. 2 для иллюстрации приведена «лесенка» нескольких субкладов гаплогруппы R1a, родительской которых является гаплогруппа R (ее снип – M207, то есть это индекс характерной и уникальной мутации в Y-хромосоме ДНК, которую (мутацию) несут все потомки первопредка гаплогруппы R. Через тысячелетия (в данном случае примерно через 10 тысяч лет) один из потомков первопредка гаплогруппы R получил мутацию M173 (очередной снип), и эта гаплогруппа, которую это потомок основал, став ее патриархом, в классификации называется R1. Она возникла (путем образования мутации M173) примерно 30 тысяч лет назад. Далее, примерно 20 тысяч лет назад, возникла гаплогруппа R1a (путем образования мутации/снипа M420), это произошло, видимо, в Южной Сибири, на Алтае. Три носителя данного снипа были найдены в Европе, в Германии, и они попали на дерево гаплотипов на рис. 6, под номерами 1, 2 и 3. Их последующие потомки – носители субкладов R1a1, R1a1a1, R1a1a, и так далее, на десятки уровней вниз.

Возвращаемся к дереву гаплотипов на рис. 2. Общий предок всех 67-маркерных гаплотипов дерева жил 4848±415 лет назад, всех 67– и 111-маркерных гаплотипов – 4294±298 лет назад, при округлении получаем **4800±400** и **4300±300** лет назад. Среднюю величину можно не брать, и так видно, что она практически равна полученным ранее, в 2008 году, и с совершенно другой выборкой в Германии **4575±560 лет** и **4675±510 лет** до общего предка, расчитанным по 12– и 25-маркерным гаплотипам.

Таким образом, обе выборки – 2008 и 2014 гг в Германии являются вполне репрезентативными для целей настоящего исследования.

Помимо этого, в ДНК-генеалогии введен принципиально новый метод для расчетов хронологии, основываясь на картине мутаций ДНК– так называемый логарифмический метод. Покажем его эфективность на примере, приведенном выше, для серии из 67 гаплотипов гаплогруппы R1a из Германии (см. рис. 2). В 12-маркерном формате из этой серии всего три гаплотипа идентичны друг другу, значит, это и есть базовые, то есть предковые гаплотипы (хотя для столь малого числа базовых гаплотипов не исключена ошибка в их отнесении к предковым, потому они и называются базовыми, а не буквально предковыми). Получаем: $[\ln(67/3)]/0.02 = 155 \rightarrow 183$ условных поколений, то есть примерно **4575 лет** до общего предка всей серии. Расчет по мутациям, которых в этой серии было 208 (см. выше), дает $208/67/0.02 = 155 \rightarrow 183$ условных поколений (по 25 лет) от общего предка, то есть **4575±560 лет** до общего предка. Совпадение получилось практически абсолютным, но это в данном расчете случайно, потому что чисто статистически в данной серии могли оказаться как 2, так и 4 базовых гаплотипа, и погрешность при таких малых количествах базовых гаплотипов велика. Тем не менее, логарифмический (без подсчета мутаций) и линейный (с подсчетом мутаций) методы расчетов показывают, что серия гаплотипов вполне подходит для расчетов, и что общий их предок действительно жил примерно 4600 лет назад.

Но для 25-маркерных гаплотипов при таком малом числе гаплотипов и таком довольно удаленном общем предке расчет по логарифмическому методу уже невозможен. Даже два базовых 25-маркерных гаплотипа сохраняются всего лишь на протяжении $[\ln(67/2)]/0.046 = 76 \rightarrow 83$ условных поколений, то есть примерно 2075 лет. После этого и двух базовых гаплотипов не остается. Но даже отсюда можно – просто на взгляд, без расчетов – получить граничную информацию о времени жизни общего предка серии гаплотипов, в данном случае – больше 2100 лет назад. Здесь 0.02 и 0.046 – константы скорости мутаций для 12– и 25-маркерных гаплотипов.

Чем больше по численности серия гаплотипов, происходящих от одного предка, тем точнее расчет времени жизни этого предка. И тем больше экономия времени при расчетах,

поскольку логарифмический метод не требует подсчета числа мутаций в гаплотипах. Например, из 2000 12-маркерных гаплотипов субклада R1b-L21 114 гаплотипов являются базовыми, то есть идентичными друг другу. Это дает [ln(2000/114)]/0.02 = 143 → 167 условных поколений, или 4175±570 лет до общего предка. Расчет по мутациям (для 67-маркерных гаплотипов) дает 4325±350 лет до общего предка. Разница между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета дает всего лишь 3.6 % разницы, хотя погрешность расчетов ее увеличивает. Если округлить полученные величины с учетом погрешностей до 4200 и 4300 лет до общего предка, разница между ними становится равной всего лишь 2.4 %.

Другой подобный пример – из 2000 12-маркерных гаплотипов субклада RW-Z280 базовыми являются 88 гаплотипов. Мы уже видим, что R1a-Z280 заметно старше, чем R1b-L21 (см. предыдущий абзац). Действительно, это дает [ln(2000/88)]/0.02 = 156 → 184 условных поколений, или 4600±б70 лет до общего предка. Расчет по мутациям (для 67-маркерных гаплотипов) дает 4825±320 лет до общего предка (см. таблицу выше). Разница между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета дает всего 4.9 % разницы. Если округлить полученные величины с учетом погрешностей до 4600 и 4800 лет до общего предка, разница между ними становится равной 4.3 %. Для 25-маркерных гаплотипов базовых в серии из 2000 R1a-Z280 остаются только два базовых, что дает [ln(2000/2)]/0.046 = 150 → 176 условных поколений, или примерно 4400 лет до общего предка. Погрешность там велика, поскольку там, где есть только два базовых гаплотипа, легко могли остаться один или три. Но видно, что закономерности в целом соблюдаются.

Как мы видим, мутации в гаплотипах потомков расходятся от предкового гаплотипа как круги по воде, число мутаций легко рассчитывается, и они подчиняются довольно простым количественным закономерностям. Для кругов на воде, расходящихся от места, куда был брошен камень, легко рассчитать, когда был брошен камень, если знать скорость распространения волны и место нахождения круговой волны в данный момент времени. Чем больше прошло времени – тем дальше круги ушли, тем больше они разошлись. Так и в гаплотипах – чем больше время, прошедшее от общего предка, тем больше мутаций накопилось в гаплотипах его потомков. Число этих мутаций связано с временем, прошедшим от общего предка, с числом гаплотипов в серии, и с константой скорости мутации в гаплотипах, и выражается простой формулой: n/N = kt, где n – число мутаций в серии из N гаплотипов, k – константа скорости мутации (в числе мутаций на гаплотип за условное поколение, равное 25 лет), t – число условных поколений, с табличной поправкой на возвратные мутации[27]. На сотнях и тысячах примеров показано, что эта формула работает при любом числе гаплотипов и мутаций в них, и при любом времени, прошедшем от общего предка рассматриваемых гаплотипов.

Однако при очень больших временах, более 10–20 тысяч лет, и особенно более 100 тысяч лет, нужно использовать гаплотипы с «медленными» маркерами, то есть с малыми константами скоростей мутаций, и тем самым снижать число мутаций и число возвратных мутаций. По аналогии, вряд ли целесообразно изучать скорости радиоактивного распада элементов со временами полураспада в тысячелетия, используя секундомер. Или пытаться изучать круги на воде за километры от места, куда был брошен камень, для этого нужно значительно более мощное воздействие. Как всегда, нужен конкретный анализ в конкретной ситуации, единых подходов на все случае жизни не бывает. Варианты конкретного анализа в конкретных ситуациях и рассматривает ДНК-генеалогия. Некоторые ситуации и расчеты мы расмотрим ниже.

Как мы видим, мутации в ДНК-генеалогии – это не только единичные необратимые мутации-снипы, описанные выше, которые определяют гаплогруппы и субклады, но и

---

[27] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186-216

обратимые мутации, меняющие числа повторов, или аллели, в гаплотипах. В русскоязычной литературе их называют просто «мутации», с пониманием, что это не те мутации (в генах), которые обычно возникают под действием радиации. Переход числа повторов в маркере Y-хромосомы от 25 к 24 или 26 (или наоборот) имеет совершенно другую природу, чем «поломка» гена. Такой переход является следствием спонтанной ошибки ДНК-копирующей «биологической машины», это процесс первого порядка с точки зрения физико-химической кинетики, он не зависит от внешних воздействий. О процессах первого порядка будет рассказано ниже.

Помимо того, что в 2008 году ДНК-генеалогия прошла проверку на реальных (ископаемых) гаплотипах, показав ту же хронологию, в том же 2008 году, в июне, вышел первый выпуск Вестника, который позже стал международным. В первом выпуске были две больших статьи – «Основные правила ДНК-генеалогии» (54 страницы) и «Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии» (179 страниц). С тех пор вышло 73 выпуска Вестника, общим объемом более 15 тысяч страниц, все выпуски в открытом доступе (http://dna-academy.ru/proceedings/, www.anatole-klyosov.com). Со второго выпуска (июль 2008) в разделе «Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии» публикуются ответы на письма читателей из разных стран мира. До сегодняшнего выпуска опубликованы персональные истории в виде ответов на 249 писем читателей. Авторы Вестника – в основном российские специалисты и любители ДНК-генеалогии, но также специалисты из США, Италии, Франции, Словении, Сербии, Италии, Германии, Бельгии, Шотландии и других стран. Помимо этого, в материалах Академии, которая официально утверждена в федеральных органах РФ в июле 2015 года, публикуются персональные интерпретации гаплотипов и снипов для людей, подавших на рассмотрение данные тестирования своих ДНК.

С того же 2008 года опубликованы 25 научных статей по ДНК-генеалогии в академических журналах (21 на английском языке, одна – в старейшем российском академическом журнале «Биохимия»), и три – в журнале «Исторический Формат») вышли 8 книг по ДНК-генеалогии (7 на русском языке и одна на сербском, в Белграде), и 112 научно-популярных статей по ДНК-генеалогии, из них 80 статей на Переформате – сайте, который выпускается профессиональными историками (http://pereformat.ru/klyosov).

Научные статьи в области ДНК-генеалогии публиковались в журналах Human Genetics (2009), J. Gen. Genealogy (2009), Advances in Anthropology (2011–2014), Биохимия (2011), Eur. J. Human Genetics (2014), Frontiers in Genetics (2014), Исторический Формат (2015). Весной 2013 г. автор настоящей книги получил приглашение быть главным редактором журнала Advances in Anthropology («Успехи антропологии»), и сделал его профильным журналом по ДНК-генеалогии (наряду, конечно, с публикациями авторов по разным направлениям антропологии). Первой статьей в «Успехах антропологии» была статья по константам скоростей мутаций в гаплотипах Y-хромосомы и их калибровке, то есть количественной связи с хронологией[28]. Концептуально сделать это было несложно, поскольку кинетика химических и биологических мутаций – прямая специальность автора данной книги, он в свое время заканчивал кафедру академика Н.Н. Семенова, единственного лауреата Нобелевской премии среди советских химиков, и написал немало учебников для Высшей школы (в основном издательства Московского университета и издательства «Наука»), часть – со специалистом в области химической кинетики, деканом Химического факультета МГУ чл. – корр. АН СССР И.В. Березиным. За разработку кинетики химических и биологических реакций тот же автор стал лауреатом Государственной премии СССР по науке и технике (1984), а до того – лауреатом премии Ленинского комсомола (1978). Так что концептуально разработать количественную основу ДНК-генеалогии сделать было несложно, но надо было

[28] Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34.

ее верифицировать на тысячах примеров, чтобы она была надежной. Это было сделано с использованием 3160 гаплотипов (2489 из них – в 67-маркерном формате, из 55 ДНК-генеалогических линий из 8 основных гаплогрупп). Эта работа и была опубликована в Advances in Anthropology в 2011 году[29], во втором выпуске журнала после его основания в том же году.

В последующем в том же журнале были опубликованы статьи с детальным описанием гаплогруппы R1a в мире, гаплогруппы R1a в Европе (с описанием 38 ветвей гаплогруппы R1a), гаплогруппы R1b, ДНК-генеалогии и лингвистики, ДНК-генеалогии и древней керамики от трипольской культуры до культур Юго-Восточной Азии и обеих Америк, а также четыре статьи об Африке и происхождении человека с точки зрения ДНК-генеалогии (две в 2012 г, и две – в 2014 г, одна из них редакторская). Одна статья из этих четырех[30] установила своеобразный рекорд популярности у читателей журнала – по состоянию на 25 октября 2015 года она была просмотрена более 90 тысяч раз, и «скачана» более 20 тысяч раз (http://www.scirp.org/journal/HottestPaper.aspx?Journalro=737).

Описанное выше – это крупный успех нового направления, отражение его признания. Стало ясно, что ДНК-генеалогия фактически является молекулярной историей (см. выше ответы на Вопросы 3 и 4).

Глава 2
Основные понятия и главные положения ДНК-генеалогии

Вопрос 16: **Как в Y-хромосоме образуются мутации?**

Время от времени при копировании Y-хромосомы в копии проскакивают ошибки. Фермент под названием ДНК-полимераза (на самом деле вместе с целым набором молекулярных инструментов копировальной машины) или просто ошибается и делает некоторые участки ДНК короче или длиннее, удлиняя или сокращая «тандемные повторы» нуклеотидов, или «ремонтирует» повреждённые участки и в ходе «ремонта» удаляет повреждение (эта операция называется «делеция»), или «вшивает» новый нуклеотид (называется «вставка», или «инсерт»). То, что удалось отремонтировать, в мутации не попадает, как будто мутации и не было. Что не удалось – передается сыну при рождении. Если родилась дочь, то Y-хромосома не передается. Если есть только дочери, или детей нет – Y-хромосома терминируется, вместе с мужской наследственной линией.

Мутации, которые интересуют ДНК-генеалогию, бывают двух типов – или изменение числа повторов, тандемов (STR), что описано выше, или «точечные», одно– или несколько-нуклеотидные (SNP), снипы.

Оказалось, что многие повторы нуклеотидов находятся у разных людей в одних и тех же участках Y-хромосомы. Эти участки уже специалистами пронумерованы, классифицированы, сведены в списки. Они получили название «маркеры». Набор маркеров, точнее, повторов в них, называется *«гаплотип».* Уже известных маркеров – больше тысячи. Они, как правило, одни и те же у всех людей на Земле и отличаются друг от друга только числом повторов, что вызвано теми самыми ошибками ферментов (и других элементов биологического копирования) при копировании из поколения в поколение.

Примеры повторов приведены в ответе на вопрос 14. Ясно, что «мутации», которые приводят к изменению числа тандемных повторов в Y-хромосоме, не есть те «мутации», о которых все имеют представление как о «поломках в генах», например, под воздействием радиации. Мутации, которые рассматривают в гаплотипах, происходят не в генах и не

[29] Там же

[30] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

являются «поломками». Это, как объяснено выше – ошибки при копировании ДНК. Они имеют весьма сложную архитектуру, и радиацией не вызываются. Это – не поломка, а координированная перестройка.

Вопрос 17: **Что такое «общий предок» выборки носителей гаплотипов, и как мутации могут помочь определить, когда он жил?**

Любая группа мужчин, относящихся к одной и той же гаплогруппе и к одному и то же субкладу, а также к любой выборке гаплотипов, образующей ветвь в пределах одного субклада, являются в каждом случае родственниками, и происходят от одного общего предка. Можно привести и обратное определение – если мутация, которая осуществилась в Y-хромосоме, унаследовалась в ДНК потомков, то все эти потомки происходят от одного общего предка, у которого и произошла данная мутация.

В принципе, в любой гаплогруппе и любом субкладе имеется множество групп людей, которые происходят от их общего предка. Например, у двух родных братьев есть общий предок – их отец. Если к ним добавить дядю, то общий предок всех троих – отец дяди и дедушка братьев.

Чем глубже во времени общий предок группы людей, или популяции, в терминах ДНК-генеалогии, тем больше у него потомков. Все потомки наследуют гаплотип их общего предка, но чем дальше во времени отстоит общий предок, тем больше мутаций накапливается в гаплотипах потомков. Приведем простой пример. Допустим, общий предок жил 2500 лет назад, то есть 100 условных поколений назад (в ДНК-генеалогии за условное поколение принимается 25 лет, и константы скоростей мутации вычисляются в расчете на условное поколение протяженностью 25 лет). Если выявить сто потомков этого общего предка, в их 12-маркерных гаплотипах обнаружится примерно 200 мутаций, причем у 14 человек гаплотипы будут одинаковыми, и все 200 мутаций будут неупорядоченно распределены, в разной степени, между оставшимися 86 потомками.

Вот эти одинаковые 14 гаплотипов и представляют собой предковый гаплотип. За прошедшие 100 поколений – чисто статистически – в гаплотипах 86 потомков пройдут мутации, а в гаплотипах 14 потомков мутаций еще не будет. Вот таким образом определяют предковый, или базовый гаплотип.

Проверим представленные выше числа. 200 мутаций в 100 гаплотипах в 12-маркерном формате (константа скорости мутаций в 12-маркерных гаплотипах равна 0.02 мутаций на гаплотип за условное поколение) соответствуют величине 200/100/0.02 = 100 условных поколений, то есть примерно 2500 лет (здесь для простоты не вводится поправка на возвратные мутации, смысл которой будет пояснен в следующей главе). Это – линейный метод расчета времени до общего предка популяции. В то же время согласно логарифмическому методу если из 100 гаплотипов в 12-маркерном формате остались неизменными 14, то это соответствует времени, прошедшему от общего предка популяции, равному [ln(100/14)]/0.02 = 98 условных поколений, то есть примерно тому же времени, рассчитанному с помощью линейного метода.

Из этого примера должно быть понятно, что чем более недавний общий предок, тем большее число идентичных друг другу гаплотипов (или их фрагментов) наблюдается в выборке, и тем надежнее выявляется предковый гаплотип. Если общий предок жил очень давно, то одинаковых гаплотипов в выборке может остаться всего два-три – например, три гаплотипа из сотни 12-маркерных гаплотипов останутся при [ln(100/3)]/0.02 = 175 условных поколений до общего предка, то есть общий предок жил 4375 лет назад (на самом деле больше при учете возвратных мутаций). Когда в серии гаплотипов наблюдаются всего два-три одинаковых гаплотипа, они могут не обязательно быть предковыми, а оказаться одинаковыми случайно, в результате игры неупорядоченных мутаций. Поэтому понятие «предковый» гаплотип лучше не употреблять, за исключением совсем уже явных случаев, и в ДНК-генеалогии вместо «предковый» гаплотип обычно употребляют «базовый».

Итак, общий предок популяции – это предполагаемый носитель «базового», или

«предкового» гаплотипа. Время жизни общего предка популяции вычисляется по совокупности гаплотипов его потомков, принимая во внимание число мутаций, накопившееся в популяции, нормированное на гаплотип или на маркер, и константу скорости мутации, или частоту мутации в расчёте на поколение. Расчёты времён жизни общих предков популяций позволяют делать предположения о времени и направлениях миграций популяций в древности, о передвижениях популяций. Поскольку, передвигаясь, популяции оставляли следы в виде материальных признаков, это позволяет проводить интерпретацию археологических данных в отношении носителей этих признаков, их принадлежности к определённым родам и племенам, связанных родственными взаимоотношениями. Аналогично, популяции, передвигаясь, приводили к перемещению языков, диалектов, и определение общих предков и времён их жизни даёт возможность прослеживать динамику языков в отношении соответствующих родов и племён, связанных родственными взаимоотношениями.

Вопрос 18: **Можно ли привести примеры предковых гаплотипов, датируемых десятками и сотнями тысяч лет назад? Можно ли выявить гаплотип общего предка всех мужчин на Земле?**

«Общий предок всех людей» – понятие скорее концептуальное, чем буквальное, абсолютное. Чем больше накапливается данных, тем понятнее становится, что «общий предок всех людей» теряется среди переплетений ДНК-генеалогических линий, уходящих на сотни тысяч лет вглубь. Поэтому введенное некоторое время назад понятие «хромосомный Адам» не является научным и никогда не было доказано. Интуитивно, такой общий предок возможен, но он, скорее всего, будет «плавающей мишенью».

Понятие «одного предка» можно рассматривать на разных уровнях сложности. Например, древнейшая африканская линия (гаплогруппа A00) имеет общего предка с гаплогруппой R1a примерно 210 тысяч лет назад, то есть оттуда, из такой глубины тысячелетий расходятся гаплотипы современных носителей гаплогруппы A00 и этнических русских гаплогруппы R1a:

13 11 12 10 11 16 10 8 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11 (**A00**)
12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (**R1a**)

Здесь приведены 22 очень «медленных» маркера Y-хромосомы, каждый из которых мутирует раз во многие тысячелетия. Можно подсчитать, что эти гаплотипы разошлись на 26 мутаций, и расчеты, основанные на скорости мутации каждого маркера, показывают, что эти 26 мутаций соответствуют времени жизни их общего предка примерно 210 тысяч лет назад. Но даже беглый взгляд на эти гаплотипы показывает, что ДНК древнейших африканцев и этнических русских, носителей гаплогруппы R1a, не так уж намного различаются, или, скорее, являются принципиально сходными.

Хорошо, а если вместо типичного гаплотипа R1a подставить гаплотип R1b, преобладающей гаплогруппы Западной Европы? Мутации здесь настолько медленные, что в таком формате представления гаплотипа он будет практически одинаков по всей Западной Европе:

11 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (**R1b**)

Мы видим, что при таком разрешении большая часть аллелей (это – числа в гаплотипах) у R1a и R1b одинаковы (совпадают 16 аллелей из 22). Между гаплотипами A00 и R1b – 24 мутации, что снижает возраст общего предка на семь тысяч лет, то есть на 3 %. Это – в пределах погрешности расчетов. Только не стоит строить пропорции, там счет нелинейный.

Можно ли считать, что общий предок человечества жил 200210 тысяч лет назад? Вряд

ли, поскольку гаплогруппа A00 была обнаружена всего два года назад, и до этого считали, что общий предок человечества жил 140 тыс. лет назад. Если завтра исследователи найдут новую гаплогруппу, то срок начала человечества опять отодвинется. И он несомненно будет отодвигаться дальше, по мере углубления наших знаний. Уже появилась еще одна реперная точка – это общий предок шимпанзе и человека. У современного шимпанзе из полной хромосомной последовательности удалось определить 16 маркеров Y-хромосомы.[31] Они показаны рядом со значениями аллелей в тех же маркерах Y-хромосомы «усредненного общего предка» человека:

8 15 10 4 5 9 10 5 10 4 4 7 4 4 8 9 (**шимпанзе**)
11 12 11 11 10 8 10 8 12 10 12 12 12 11 11 11 (**человек**)

Это оказались еще более медленные маркеры, и 64 мутации (!) между ними помещают общего предка шимпанзе и человека на глубину времен в 4.4 миллионов лет назад. В целом это же дают и антропологические оценки. Что важно – никаких «инопланетян» в создании современного человека не было, вместо этого имеется непрерывный эволюционный путь от общего предка шимпанзе и человека миллионы лет назад к нам, современным людям.

Вопрос 19: **Можно ли считать, что все люди – родственники?**

Как было отмечено в ответе на предыдущий вопрос, концептуально – да, но детали нам пока неизвестны. Если даже мы не найдем конкретного общего предка всех людей на Земле, как мужчин, так и женщин, но принципиальное сходство гаплотипов позволяет предполагать, что все люди произошли от одного общего предка. Если даже мы сможем найти нескольких, которых не сумеем свести к одному общему предку, все равно – опять интуитивно – он и она должны быть. В общем, дело опять сводится к определениям, как мы понимаем «общего предка».

Этот предок оказался древнее, чем предполагалось раньше. Еще недавно считалось, что он жил примерно 70 тыс. лет назад, потом 120 тысяч, потом 140 тысяч, сейчас он уже уходит глубже 200 тыс. лет назад, постепенно приближаясь к общему предку с неандертальцем 300–500 тыс. лет назад, и, возможно, уйдет еще далее к приматам, миллионы лет назад. Как мы видим, гаплотипы хоть и отдаленно, но в принципе похожи на те, что есть у всех нас. У шимпанзе и у нас – одни и те же маркеры. Следовательно, общий предок был один и тот же, только очень древний. И действительно, геномный анализ показывает, что шимпанзе из зоопарка и любой современный человек, мужчина или женщина, имеют более 95 % совпадений в составе их ДНК, или в числе и положениях мутаций, как ни считать.

Вопрос 20: **Насколько различаются гаплотипы у разных популяций? Как связать гаплотипы с субкладами?**

Как уже сообщалось выше, гаплотипы изображают в виде числа тандемов, или повторов, по каждому маркеру, выбранному из десятков и сотен. В англоязычной литературе их называют STR, или Short Tandem Repeats. Самый простой и короткий гаплотип из тех, которые рассматривает ДНК-генеалогия, состоит из пяти или шести маркеров. Примеры были показаны выше. Но можно привести и еще —

у этнических русских, славян с Русской равнины (индекс субклада R1a-Z280)

16 12 25 11 11 13,

у скифов из раскопок в Минусинской котловине, с датировками 3800–3400 лет назад

[31] Klyosov A. A., Rozhanskii I. L., Ryabchenko L. E. (2012) Re-Examining the Out-of-Africa Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, Haplogroups and Haplotypes in the Y Chromosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No.4, 198–213.

(индекс не определяли),

16 12 25 11 11 13

в высших кастах Индии (R1a-Z93-L342.2-L657) точно такая же, как у скифов

16 12 25 11 11 13,

у современных таджиков гаплогруппы R1a

16 12 25 10 11 13

(хотя число 10 там при усреднении практически равно 10.5, и при добавлении гаплотипов может склониться или к 10, или к 11),

у носителей гаплогруппы R1a, наиболее распространенной у пуштунов Афганистана (индекс R1a-Z93-L342.2-Z2124)

16 12 24 11 11 13

у западных славян (индекс R1a-M458-L260)

17 12 25 10 11 13

Потомки древних носителей гаплогруппы R1a-M458 сейчас живут в основном в Белоруссии, Польше, на Украине, продвинулись в Центральную Европу; возможно, это они были первыми кельтами в Центральной Европе (в частности, в Австрии, образуя ядро гальштаттской археологической культуры). Как мы видим, 6-маркерный гаплотип уже другой, и легко отличается.

Продолжим:

у славян «центрально-европейской группы» (R1a-M458-CTS11962)

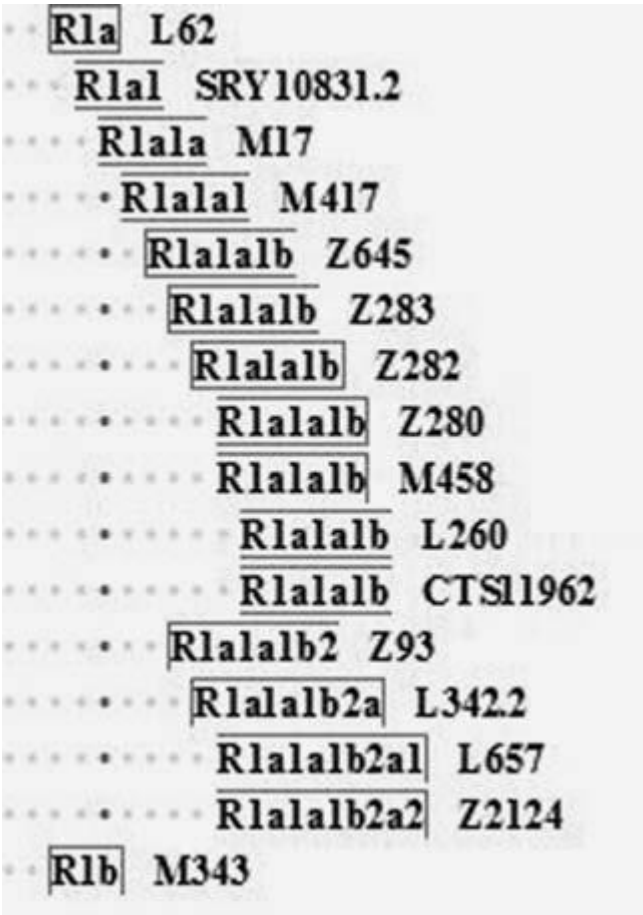
16 12 25 10 11 13

у 60 % западноевропейцев, носителей гаплогруппы R1b

14 12 24 11 13 13

Видно, что в ряде случаев у носителей той же гаплогруппы R1a даже короткие гаплотипы немного различаются, часто всего на одну мутацию, потому что они принадлежат разным субкладам, то есть племенам, с разной историей миграций, и с разными общими предками для каждого племени, хотя имеют одного общего предка гаплогруппы (R1a в данном случае). Поэтому надо всегда уточнять, о каком общем предке идет речь. Как уже говорилось выше, с расширением степени родства общий предок уходит в глубь времен, но он всегда есть.

Посмотрим, как это выглядит на сокращенной диаграмме субкладов гаплогруппы R1a с добавлением R1b:



У каждой из этих гаплогрупп и субкладов был свой общий предок, и у каждого – свой гаплотип. Как мы уже увидели, 6-маркерные гаплотипы разделяют только тех общих предков, родоначальников, патриархов своих субкладов, у которых случайно проскочила мутация в тех самых 6-маркерных гаплотипах. Но у близко расположенных субкладов мутация – чисто статистически, неупорядоченно – могла и не проскочить. Так, мы уже видим, что восточные славяне Русской равнины (субклад R1a-Z280) – близкие родственники ариям (точнее, их потомкам из высших каст Индии) и скифам (ископаемые ДНК), у них одинаковые 6-маркерные гаплотипы. А в гаплотипы пуштун, происходящих из исторической Бактрии, и западных славян, с которыми восточных славяне разделены десятью тысячами лет, неупорядоченные ошибки при копировании Y-хромосомы успели добавить за это время одну-две мутации. В гаплотипах R1a и R1b, которые разделены во времени десятками тысяч лет, уже есть пять мутаций разницы. Формальный расчет дает 5/0.0074 = 676 → 1580 условных поколений, то есть 40±18 тысяч лет расстояния между ними. Так оно в общем и получается, в пределах погрешности расчетов, между ними примерно 44 тысячи лет разницы.

Схема выше – предельно сокращенная, на самом деле в ней десятки уровней. Мы просто выделили кратчайший путь к ряду субкладов от образования исходной гаплогруппы R1a, которое произошло примерно 20 тысяч лет назад. От R1a последовательно отходили ветви новых и новых субкладов, в основе каждого была новая мутация в Y-хромосоме новорожденного мальчика, мужские потомки которого выжили и в итоге дали свое разветвленное потомство.

Примерно 5500 лет назад в Европе образовался так называемый юго-восточный субклад Z93, носители которого (потомки очередного мальчика, в Y-хромосоме которого образовалась мутация Z93) прошли на Русскую равнину, примерно 4800 лет назад там образовался очередной субклад L342.2/Z94, носители которого разошлись по нескольким направлениям. Одна часть продвинулась в Индию, с новообразованным субкладом L657, это были легендарные арии, и потомки индоариев в настоящее время продолжают нести в своих

ДНК мутацию под индексом L657. Потому носителей L657 так много в высших кастах Индии, до 72 % от общего количества. Другая часть продвинулась в Бактрию, но субклады таджиков пока малоизвестны. Тем не менее, датировка общих предков таджиков гаплогруппы R1a указывает на исторических ариев как их потоков. Еще одна часть ариев прошла в Иран и Афганистан, но у них был уже другой, «параллельный» субклад Z2124, которые сейчас имеют большинство пуштунов.

В итоге мы имеем две параллельные системы отсчета времен миграций и определения их направлений – гаплотипы (с их STR, маркерами, тандемными повторами блоков нуклеотидов) и субклады (с их SNP, снипами). Мутации в них происходят независимо друг от друга, по поскольку эти процессы идут параллельно, в одних и тех же популяциях, то в целом между мутационной динамикой в гаплотипах и субкладах есть некоторая корреляция. Мы уже видели, что и 6-маркерный гаплотип сдвинулся на одну мутацию между индусами и афганцами, носителями гаплогруппы R1a, и субклады сдвинулись тоже.

Мы видим, что даже короткие, 6-маркерные гаплотипы являются вполне информативными, и позволяют распознать представителей разных народов и (порой) этносов. Более протяженные гаплотипы, вплоть до 67– и 111-маркерных, позволяют уточнить картину, выявить более недавние ДНК-генеалогические линии, определить их датировку. Но суть поиска от этого принципиально не меняется, появляется намного более высокое разрешение в исследованиях.

Вопрос 21: **Какова скорость мутаций в самых коротких, 6-маркерных гаплотипах?**

Как уже пояснялось выше, гаплотипы показывают число повторов нуклеотидных участков в маркерах, которые в 6-маркерных гаплотипах обозначают соответствующими индексами 19, 388, 390, 391, 392 и 393. Например, у большинства афганцев гаплогруппы R1a в первом маркере (номер 393) было найдено 13 повторов определённой последовательности нуклеотидов. Во втором – 24 повтора уже другой последовательности и так далее. При передаче этого гаплотипа от отца сыну с вероятностью примерно 0.7 % процента (то есть в среднем у одного на 135 рождений) может произойти мутация, например, такая – от гаплотипа

13-24-16-11-12-11

в такой:

13-**25** -16-11-12-11

А может произойти и такая -

13-24-**15** -11-12-11

Примеры таких мутаций можно найти в изобилии, тысячами. Может пройти и любая другая (как правило, одиночная, то есть на один шаг) мутация в любом маркере, только одни мутации в одних маркерах происходят чаще, в других – реже. А в среднем мутация в таких 6-маркерных гаплотипах происходит, как было найдено, в среднем раз на 135 мальчиков. Если перевести во времена, то константа скорости мутации в 6-маркерных гаплотипах равна 0.0074 мутаций на весь гаплотип за 25 лет.

Вопрос 22: **Насколько обосновано положение, что по числу мутаций в гаплотипах можно определять «возраст гаплотипа», и не странно ли последнее понятие, поскольку речь о гаплотипах наших современников?**

Действительно, «возраст гаплотипа» это жаргон, речь идет о времени, прошедшем со времени жизни общего предка рассматриваемой популяции. Иначе говоря, сколько времени

прошло от предкового гаплотипа до гаплотипа его прямого потомка, нашего современника. То есть речь идет опять о времени до общего предка. Это и есть синоним жаргонного понятия «возраст гаплотипа».

Действительно, по числу мутаций в гаплотипах можно определять возраст гаплотипа, то есть время, прошедшее от общего предка этого гаплотипа до его сегодняшних потомков. Поскольку сыновья в подавляющем числе случаев сохраняют гаплотип отца, переданный по наследству, и мутации в этом гаплотипе проскакивают в среднем только раз примерно в 3375 лет (6-маркерный гаплотип) или раз в 1250 лет (12-маркерный гаплотип), или раз в 125 лет (111-маркерный гаплотип), то даже через 5000 лет у потомков сохранится 23 % исходного 6-маркерного гаплотипа, без изменений. То есть в списке из 100 гаплотипов потомков – 23 гаплотипа будут такими же, какой был у предка 5000 лет назад. Это несложно проверить, применяя логарифмический метод [ln(100/23)]/0.0074 = 199 условных поколений (по 25 лет), то есть примерно 5000 лет. На самом деле 23 гаплотипа из ста сохранятся заметно дольше, чем пять тысяч лет, потому что в гаплотипах время от времени происходят возвратные мутации, как бы «стирающие» мутации, образовавшиеся к тому времени. Расчет показывается, что 23 гаплотипа (6-маркерных) из ста сохранятся через 199 → 227 условных поколений, то есть через 5675 лет. Здесь стрелка показывает поправку на возвратные мутации. Их мы будем рассматривать ниже в этой книге.

При рассмотрении 12-маркерных гаплотипов те же 23 % гаплотипов предка сохранятся через 73 поколения (без поправки на возвратные мутации), или 78 поколений, то есть 1950 лет.

Таким образом, определить гаплотип предка можно и через тысячелетия. И по его виду можно узнать, из каких краёв предок пришёл, сравнив вид гаплотипа с гаплотипами по территориям, и с доступными ископаемыми гаплотипами.

В качестве примера стабильности гаплотипов можно привести 25-маркерные гаплотипы дяди и племянника (гаплогруп-па R1b-U152), которые оказались идентичными (это гаплотипы KLIN00012 и 00013 в базе данных Академии ДНК-генеалогии):

13 25 15 11 11 11 12 12 12 12 13 28–19 9 10 11 11 25 14 19 29 15 15 16 17

Как видно, за три поколения, разделяющих дядю и племянника, 25-маркерный гаплотип полностью сохранился. Действительно, расчеты показывают, что в среднем одна мутация между двумя 25-маркерными гаплотипами случается только на протяжении 11 поколений: 1/2/0.046 = 10.87 условных поколений (по 25 лет каждое; 0.046 – константа скорости мутации в 25-маркерных гаплотипах). Можно было бы написать «в среднем через 11 поколений», но это было бы по сути неверно, так как мутация может произойти неупорядоченно и когда угодно, но при наличии большого числа опытов она происходит в среднем раз в 11 поколений.

Вопрос 23: **Можно ли по гаплотипам определять этносы?**

Как правило, нет. Гаплотипы не указывают на этносы, это совершенно разные понятия. Гаплотипы указывают на древние рода, племена, которые намного старше этносов. С тех древних времен гаплотипы давно разошлись по разным территориям, на которых потом, через тысячелетия сформировались этносы. Хотя нередко бывают ситуации, когда относительно молодой этнос имеет характерный гаплотип, который мутировал всего лишь незначительно (то есть относительно недавно) от общего предка, и легко узнается. Например, таким характерным является гаплотип евреев гаплогруппы R1a. Он вошел в еврейскую среду субкладом Z2124 (тем самым, который мы видим у афганцев) примерно 4000 лет назад, но у афганцев этот субклад появился только в начале нашей эры. 1300 лет назад группа евреев, носителей этого субклада, к которому за прошедшие тысячелетия добавилась мутация M582 (и цепочка субкладов евреев приобрела вид R1a-Z93-L342.2-Z2124-M582), по каким-то причинам почти полностью вымерла, видимо, была группой

компактной, и выживший носитель мутации M582 фактически опять начал свой род. Поскольку это было всего 1300 лет назад, то гаплотип в значительной степени сохранился до настоящего времени, и сейчас почти у всех евреев гаплогруппы R1a, а их многие тысячи, гаплотип (в 67-маркерном формате) имеет вид:

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

В среднем, у всех евреев, носителей этого гаплотипа, наблюдается всего 6 мутаций (на 67 маркерах) от предкового гаплотипа с возрастом 1300 лет. Поэтому данный гаплотип распознается с одного взгляда опытного специалиста. В нем есть характерные только для данного гаплотипа фрагменты.

У афганцев есть тоже характерные по виду гаплотипы. Например, в гаплогруппе G2 в Афганистане преобладает субклад G2b1, с коротким 6-маркерным гаплотипом

13 23 16 11 12 11

а на Кавказе преобладает субклад G2a1, с гаплотипом

14 22 15 10 12 10

Здесь различия множественные, поскольку общий предок обоих субкладов жил не менее 15 тысяч лет назад. За это время гаплотипы разошлись столь далеко друг от друга.

Поскольку у каждого племени и в каждом этносе, в каждом регионе можно определять возраст племени и вообще популяции в целом, то можно определять, когда и в каком направлении шли древние миграции.

Вопрос 24: **Можно ли сказать, что где определенной гаплогруппы или субклада больше всех, там и их прародина?**

Нет, так сказать нельзя, во всяком случае в большинстве случаев. Например, в Ирландии гаплогруппы R1b больше 90 %, но гаплогруппа R1b появилась наиболее вероятно в Южной Сибири, причем примерно 20 тысяч лет назад, а «возраст» гаплогруппы R1b в Ирландии, как и вообще в Европе, менее 5 тысяч лет. Причина – в далеких древних миграциях. Носители гаплогруппы R1b прибыли в Европу в начале III тыс до н. э., причем основная миграция была со стороны Пиреней, и оттуда мигранты довольно быстро заселили Британские острова, и далее распространились по Европе в виде культуры колоколовидных кубков[32]. К настоящему времени уже изучили шесть ископаемых ДНК из культуры колоколовидных кубков, и из них пять оказались R1b, и один – R1, для всех датировки между 4500 и 4100 лет назад[33], времена культуры колоколовидных кубков, как и предполагалось в ранней работе[34].

---

[32] Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

[33] Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N., Mallick, S., Patterson, N., Roodenberg, S.A., Harney, E., Stewardson, K., Fernandes, D., Novak, M., Sirak, K., Gamba, C., Jones, E.R., Llamas, B., Dryomov, S., Pickrell, J., Arsuaga, J.L., de Castro, J.M.B., Carbonell, E., Gerritsen, F., Khokhlov, A., Kuznetsov, P., Lozano, M., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Guerra, M.A.R., Roodenberg, J., Verges, J.M., Krause, J., Cooper, A., Alt, K.W., Brown, D., Anthony, D., Lalueza-Fox, C.L., Haak, W., Pinhasi, R., Reich, D. (2015) Eight thousand years of natural selection in Europe. bioRxiv preprint posted online March 14, 2015; doi: http://dx.doi.org/10.1101/016477.

[34] Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe,

В периферийных регионах Европы (Пиренейский полуостров, Британские острова) потомки мигрантов быстро приумножили свое количество, и сейчас доля гаплогруппы R1b с нисходящими субкладами составляет там около 90 % или выше, а в центральной Европе произошло значительное разбавление новыми мигрантами, уже других гаплогрупп. В Восточной Европе исторически сложилось так, что там около 50 % составляет гаплогруппа R1a, но там тоже не их прародина, несмотря на высокую долю гаплогруппы. В Финляндии – выше 60 % гаплогруппы N, но это тоже не ее прародина. В Финляндию носители гаплогруппы N пришли со стороны Алтая. В Осетии более 70 % гаплогруппы G2a, но и это не прародина. Состав и доля гаплогрупп складывается тысячелетиями, и отражает определенные исторические процессы, о которых историки во многих случаях и не догадываются.

Полагать, что там, где гаплогруппы больше, там и прародина, это застарелая ошибка популяционных генетиков. С этой ошибки фактически и началась популяционная генетика человека, когда решили, что высокое содержание гаплогруппы R1b в Европе указывает на то, что эта гаплогруппа в Европе и образовалась. Более того, в академической литературе появилась и датировка для образования R1b в Европе – 30 тысяч лет назад. Эту датировку попгенетики тут же стали обильно цитировать, и никто не задавал вопрос – как эту величину определили? На самом деле ее никто не определял, она была просто записана «по понятиям». Это – типичная схема для популяционных генетиков.

Вывод – доля в процентах гаплогруппы в популяции сама по себе означает не очень много, это просто структура современной популяции, то, чем занимаются популяционные генетики. Как отмечалось выше, часто бывает, что доля большая, а общий предок недавний, просто потомки общего предка быстро размножились, условия были благоприятными. Еще пример – доля гаплогруппы R1a в высших кастах Индии достигает 72 %[35], а сама гаплогруппа пришла в Индию с ариями примерно 3500 лет назад. Хотя в самой цитируемой работе по той же порочной «логике» попгенетиков утверждалось, что раз доля гаплогруппы R1a в Индии (то есть в высших кастах) столь высока, то R1a в Индии и образовалась. На что можно с иронией сказать, что поскольку в нашей фамильной деревне Клёсово в Курской области доля гаплогруппы R1a составляет 100 %, то гаплогруппа в той деревне и образовалась.

Поскольку у каждого племени и в каждом этносе, в каждом регионе можно определять возраст племени и вообще популяции в целом, то можно определять, когда и в каком направлении шли древние миграции.

Вопрос 25: **Как современные гаплотипы могут указывать, когда и в какую сторону шли миграции тысячелетия назад?**

Когда шли миграции (или пребывание данной популяции на рассматриваемой территории) – рассчитывается по временному расстоянию до общего предка популяции на данной территории, причем такие расчеты проводятся для той же гаплогруппы или субклада на разных территориях. Другими словами, проводится картирование территорий на максимально возможных расстояниях, по всему континенту или на нескольких континентах. Если вдоль пути миграции, то есть шлейфа миграций, идет систематическое уменьшение времен до общего предка, то миграция шла в сторону уменьшения времени.

Пример – сопоставление серий гаплотипов гаплогруппы R1b в Средней Азии и в Европе показало, что общий их предок жил 16 тысяч лет назад[36]. Но в Европе общий предок

16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

35 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

36 Клёсов, *А.А.* (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии

гаплотипов гаплогруппы R1b жил 4800 лет назад (на Пиренейском полуострове) и 4500 лет назад (в центральной Европе). Следовательно, миграции эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, шли со стороны Средней Азии на запад, в сторону Европы. Последующие исследования показали, что гаплогруппа R1b в районе Урала и на Русской равнине имела общих предков как минимум 7000 лет назад, на Кавказе – 6000 лет назад, в Месопотамии и на Ближнем Востоке – 5500 лет назад, на Пиренеях – 4800 лет назад. В ходе этого исследования[37] направления миграций и их времена стали более понятны. Датировки ископаемых гаплотипов позволили подтвердить выводы, полученные при изучении современных гаплотипов – на территории ямной культуры (в Самарской области) были найдены костные остатки носителей гаплогруппы R1b с археологическими датировками 5300 лет назад, а в Южной Сибири – костные остатки носителя гаплогруппы R с датировкой 24 тысячи лет назад[38]. В Европе (в Германии) были найдены ископаемые гаплотипы на территории культуры колоколовидных кубков, принадлежащие гаплогруппе R1b с датировкой 4500–4100 лет назад[39]. Интересен и их состав по субкладам – M269, P310/L151, L51, P312, U152. Первый – обычный далекий родительский субклад из Сибири или ближнего Зауралья, два следующих – ближневосточные (образовались примерно 6200 и 5700 лет назад), P312 – ранний иберийский субклад, начальные колоколовидные кубки, U152 – его потомок (время образования примерно 4500 лет назад).

Как видим, времена и направления миграции эрбинов, полученные поначалу с использованием гаплотипов современников, подтвердились на ДНК ископаемых костных остатков.

Еще пример – датировки (по мутациям в гаплотипах) гаплогруппы R1a-Z93 уменьшаются от 5500 лет назад в Европе до 4050 лет назад в Индии (для субклада R1a-Z93-L657, которого в Европе еще не было), то есть по ходу миграционного маршрута появляются и новые, нисходящие снипы. И таких примеров можно приводить множество.

Вопрос 26: **Оперирует ли ДНК-генеалогия понятием «раса»?**

Понятия «раса» в ДНК-генеалогии нет. ДНК-генеалогические линии поднимаются из глубин тысячелетий, десятков тысяч лет, сотен тысяч лет, а расовые признаки отдельных людей могут кардинально меняться за несколько поколений. Дело в том, что расовые признаки являются продуктом отца и матери, и если родители принадлежат разным расам, признаки расплываются, и через несколько поколений могут измениться до неузнаваемости.

Вот пример (Рис. 3) – как женитьба на русских женщинах всего в трех поколениях сделала из сибирских монголоидов (хакасов) внучек-европеоидов.

Еще пример – раскопки алтайской пазырыкской культуры позволили выснить, как скифы гаплогруппы R1a стали монголоидными всего за несколько поколений. Причина обратная той, что на фотографиях выше. Раскопки показали, что у этих скифов типичные

ДНК-генеалогии, том1, № 4, 568–629; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

37 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

38 Balter, M. (2013) Ancient DNA links native Americans with Europe. Science, 342, 409–410.

39 Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N., Mallick, S., Patterson, N., Roodenberg, S.A., Harney, E., Stewardson, K., Fernandes, D., Novak, M., Sirak, K., Gamba, C., Jones, E.R., Llamas, B., Dryomov, S., Pickrell, J., Arsuaga, J.L., de Castro, Carbonell, E., Gerritsen, F., Khokhlov, A., Kuznetsov, P., Lozano, M., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Guerra, M.A.R., Roodenberg, J., Verges, J.M., Krause, J., Cooper, A., Alt, K.W., Brown, D., Anthony, D., Lalueza-Fox, C.L., Haak, W., Pinhasi, R., Reich, D. (2015) Eight thousand years of natural selection in Europe. bioRxiv preprint posted online March 14, 2015; doi: http://dx.doi.org/10.1101/016477.

монголоидные митохондриальные ДНК, то есть они женились на местных монголоидных женщинах, и через несколько поколений дети становились монголоидами, при наличии унаследованной по мужской линии гаплогруппы R1a.







Рис. 3. Переход от монголоидов к европеоидам за три поколения

Иначе говоря, мужские гаплогруппы не определяют расу, и напротив, раса не определяет гаплогруппу. В этой ситуации понятие расы в ДНК-генеалогии ничего не дает.

Вопрос 27: **Что могло вызывать массовые миграции в древности?**

В самом общем виде ответ такой – поиски лучшей доли. Конкретные причины могли быть самыми разнообразными – это и передвижения за уходящим зверем, который давал пищу и одежду, и уход от превосходящих сил неприятеля, но самый мощный, видимо, фактор был резкое ухудшение климатических условий – суровые зимы, наводнения, засухи, надвигающиеся оледенения.

В середине III тыс до н. э., в результате заселения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, разрушилась Старая Европа, погибли процветающие тысячелетиями балканские культуры, и в Европе древние гаплогруппы либо погибли, либо бежали на периферии континента. Это – гаплогруппы G2a, I2a, E1b-V13, R1a. Гаплогруппа R1a передвинулась на восток, на Русскую равнину, но только малым составом. Об этом говорит то, что в Европе древних гаплогрупп R1a практически не осталось, за исключением малых долей процента, а в Восточной Европе гаплогруппа R1a практически обнулилась, то есть прошла бутылочное горлышко популяции, и общий предок практически всех носителей R1a жил примерно 4600–4900 лет назад (по разным выборкам).

Вопрос 28: **Произошли ли люди от обезьян?**

Произошли, но не от тех обезьян, которых мы видим в зоопарке. Те, что в зоопарке, или резвятся на полянах в Африке или в Азии, или ходят по краю крыши домов в Индии – это продукты эволюционного развития от общих предков их и человека миллионы лет назад. Например, общий предок шимпанзе и человека жил более 4 миллионов лет назад, и тот, что сейчас в зоопарке – прошел свой эволюционный путь, видимо – не самый удачный. Мы, современные люди, произошли от того же общего предка, несколько более удачным образом, правда, не все.

И не только с шимпанзе у нас был общий предок. Был и общий предок и с гориллой, и с орангутангом, и с макакой. Вот как совпадают их нуклеотидные последовательности в ДНК.

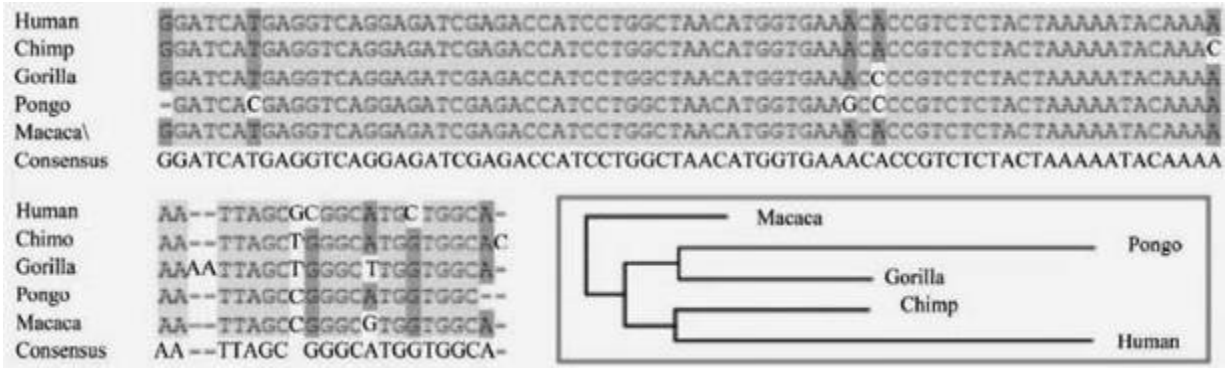


Рис. 4. Сопоставление нуклеотидных последовательностей фрагмента Y-хромосомы для современных человека, шимпанзе, гориллы, орангутанга и макаки (цит. в статье [40]).

Как видно, из 97 нуклеотидов показанной последовательности Y-хромосомы у современного человека и шимпанзе не совпадают только четыре, то есть совпадение

[40] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Reexamining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198-213

наблюдается в 96 % нуклеотидов. Совпадение с гориллой – в 93 % нуклеотидов. Случайных совпадений до такой степени быть не может, мы – родственники, правда, весьма отдаленные.

Многие, даже в научной литературе, педалируют тот факт, что мы не можем найти «пропущенные звенья» эволюции, и что это якобы ставит под сомнение теорию эволюции. Да, найти их было бы интересно, но приведенные выше данные по геному делают эти «пропущенные звенья» не такими уже и обязательными. Ясно, что они где-то лежат глубоко в земле, но всю землю пока не перекопали, и перекопают не скоро. Тем не менее, новые находки не прекращаются, и каждый раз непредсказуемые. Появятся и пропущенные звенья.

Вопрос 29: **Коррелирует ли Y-хромосома с общим геномом?**

Когда как. Часто коррелирует, иногда нет. Описано немало случаев, когда у двух родных братьев определяли гаплотипы Y-хромосомы, и они были, разумеется, одинаковы или практически одинаковы, а данные по аутосоме (то есть по рекомбинируемым хромосомам генома) заметно различались. И братья далеко не всегда были похожи друг на друга. Порой напротив, геномные данные были близки, а гаплотипы отличались друг от друга на тысячи лет (при переводе мутаций в хронологические показатели).

Осложняет картину и то, что геномные данные разные исследователи представляют по-разному. И действительно, секвенирование геномов дает списки из десятков, сотен тысяч или миллионы снипов, и существует множество способов, как эти списки наглядно или не очень наглядно представлять. Каждый раз – это по сути поиск вариантов приближения или упрощения общей картины, подгонка приближения к ответу на заданный вопрос.

Например, диаграмма ниже показывает рассортированные мутации в геномах, то есть те самые десятки тысяч снип-мутаций, но сортировку их вели в разных предположениях. Основное предположение – это введение понятия «количество общих предков в популяции», или «количество предковых популяций», которое задается компьютерной программе. Оно определяется индексом K справа на картинке. Один предок – это когда популяция совершенно однородна, чего обычно не бывает. При минимальном количестве двух общих предков картина продолжает быть однородной в китайской «референсной» популяции справа, поскольку увеличение количества предков до пяти картину не меняет – популяция вся однородна, сплошная зеленая полоса. Мы знаем, что такого быть не может, китайцы – одна из самых гетерогенных в мире популяций, для этого досточно хотя бы раз пройтись по любому китайскому городу. Но в данном случае у исследователей так получилось, и печально то, что исследователи обычно вопросы не задают – как получилось, так и получилось. Так работает популяционная генетика.

Та же однородная картина наблюдается у ижемских коми, и в значительной степени у итальянцев (синяя полоса) и финнов из Куусамо, на севере Финляндии (пурпурная полоса). У остальных популяций разрешение нарастает с увеличением количества предполагаемых предковых популяций. Самая нижняя панель на диаграмме – «приглаженная» для пяти предковых популяций. На самом деле авторы ушли и выше, до 12 общих предков, но это картину почти не изменило.

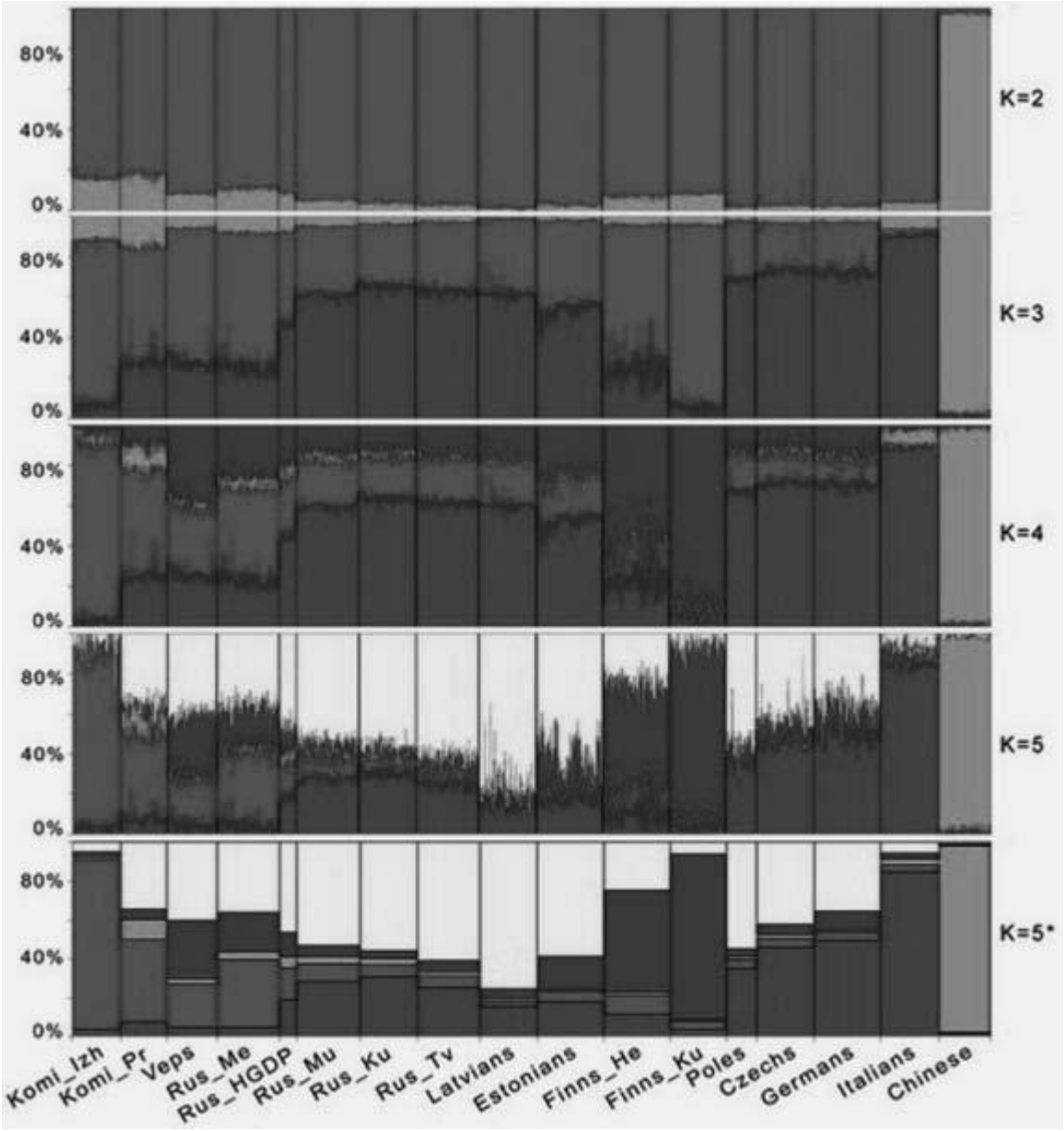


Рис. 5. Влияние количества «общих предков в популяции», задаваемых произвольно (показатель К справа) для геномов ряда популяций (указанных внизу диаграммы).

При максимальном количестве в пять предковых популяций мы видим у русских Центрального региона одну доминирующую популяцию, одну менее значительную, и две-три малозначимых. Та же картина у латышей и эстонцев (у последних – две второстепенных по численности популяции), а также у чехов и немцев, только у них основная популяция – иная, нежели у русских. Поляки – почти то же самое, что русские из Курска и Твери. У финнов – тоже одна превалирующая популяция, которая полностью доминирует в провинции, и несколько менее выражена в столице, что в целом понятно. Столица – это обычно конгломерат популяций.

Ижемские коми значительно отличаются от прилужских, первые – почти однородны, у вторых – две почти одинаковые компоненты, у вепсов даже три почти одинаковые, что похоже на картину русских из Мезени, где половина финно-угров. Картина для «стандартного генома русских», что из Архангельской области – промежуточная между русскими Центрального района и вепсами.

Интересно, что авторы цитируемой здесь статьи даже не пытались дать интерпретацию этим картинам. Они ограничились тем же словесным описанием, как я предварительно дал

выше, только называли цветные полосы «финской компонентой», «коми-компонентой», и так далее. А ведь интерпретация напрашивается сама собой. **Эти полосы – в значительной степени доли гаплогруппы Y-хромосомы в мужских популяциях** . Если сказать это попгенетикам, то они занервничают и зашумят, мол, причем здесь Y-хромосома, здесь вообще другие 22 хромосомы, перед которыми Y-хромосома по размеру что мышь перед слоном, здесь десятки тысяч мутаций, которых в Y-хромосоме вообще нет, и среди тех 615 человек половина (наверное) женщин, у которой Y-хромосомы вообще нет.

Я отвечу, что это все прекрасно понимаю, но предпочитаю работать не по понятиям, а по науке. А мне выставляют понятия, из «общих соображений». Покажите, что у меня выводы неправильные. А они сводятся к тому, что хвост в данном случае управляет собакой, то есть Y-хромосома, точнее, ее гаплогруппы – геномными закономерностями в популяциях. А вот почему это так – отвечать надо генетикам. Отвечать по существу, а не возражать «по понятиям». Открытия «по понятиям» не делаются. Открытия обязаны быть непредсказуемыми и для всех неожиданными, иначе это не открытия.

Вот – данные по гаплогруппам, которые попгенетики в цитируемой статье и не рассматривали. А зачем? Компьютер знает, что делает, не так ли? У финнов – три четверти гаплогруппы №c, ее мы и видим в виде пурпурной полосы. В провинции, на севере Финляндии – ее больше, а в столице, Хельсинки, меньше. Другой, желтой полосы, в столице примерно 20 % – это гаплогруппа R1a. Действительно, по Финляндии в целом примерно 10 % R1a, в столице – больше.

У русских центрального района основная гаплогруппа – R1a, что и показывает та же самая желтая полоса. В Курске ее 63 %, в Твери – почти столько же, что и видно на диаграмме. Немало R1a в Латвии и Эстонии, около 40 %. Хотя диаграмма показывает побольше, но мы понимаем, что эти все данные полуколичественные, и погрешности возможны с обеих сторон. В Польше доля R1a – как в Центральной России, что диаграмма и показывает. В Германии – примерно 20 %, на западе меньше, на востоке – больше. Это тоже в целом сходится с диаграммой. Как и то, что у чехов около 40 % R1a. У итальянцев Тосканы – всего 2 % R1a, что мы и видим на диаграмме, на которой представлены данные именно из Тосканы.

Короче, совершенно очевидно, что желтая полоса на диаграмме – это доля гаплогруппы R1a. Так что на возможные протесты попгенетиков я просто посоветую им лучше подумать, как это иначе объяснить. Уверяю, что другого конкретного объяснения от них не поступит. Возражения, что это «так случайно совпало» я не принимаю, пока мне не объяснят, что такое желтая полоса «не случайно».

У ижемских коми никто R1a не измерял, но по диаграмме видно, что ее у них почти нет, из тестированных 96 человек будет у одного-двух. У прилужских коми, как и у вепсов, и у популяции Мезени, судя по диаграмме, будет процентов тридцать. А вот и данные – действительно, у коми выявлено 33 % R1a, а у каких именно коми – мне неизвестно. Возможно, что у прилужских. Или у других. У вепсов не измеряли. У мезенцев – 44 % R1a, как примерно и на диаграмме.

Голубая полоса – это определенно гаплогруппа R1b, поскольку у итальянцев она доминирует, как и показано на диаграмме. В Германии ее примерно 40 %, у чехов чуть меньше, у всех остальных на уровне единиц процентов, что и видно на диаграмме.

Зеленая полоса – гаплогруппа O, она наиболее выражена в Китае, в Европе ее практически нет, что диаграмма и показывает.

Теперь красная полоса. Для нее остается только два варианта – гаплогруппа I (без разрешения на I1 и I2), или уральская, угорская гаплогруппа N1b. Действительно, у итальянцев первой всего 1–3% и вовсе нет второй, что и показывает диаграмма. У остальных – на уровне единиц процентов, как и видно из диаграммы. По данным диаграммы этой гаплогруппы, особенно N1b, должно быть много у тестированных северных народностей. Действительно, в Красноборске Архангельской области гаплогруппы I 22 %, в Вологде – 20 %, и гаплогруппы N1b 3.3 %. Судя по диаграмме, у тестированных прилужских коми ее

должно быть примерно 40 %, но в одной из статей 2009 года гаплогруппы N1b у них всего 15 %, но 50 % гаплогруппы N1c1. У ижемских коми ее должно быть, по диаграмме, почти 100 %, но опять же, думаю, что не определяли.

Похоже, что у ижемских коми популяция молодая, всего несколько сотен лет. И вся она – только одна гаплогруппа, либо I1, либо N1b. Потому и однородна. Но поскольку популяционные генетики датировки не определяют, не рассчитывают, делать они этого не умеют, то только будущие исследования подтвердят мою точку зрения. Другого варианта не вижу.

Так что интерпретация диаграммы приобретает довольно простой вид. Получается, и в данном примере не в первый раз, что Y-хромосома, как паровозик, тащит за собой – в отношении картины мутаций – остальные 22 хромосомы, но то, что общая картина мутаций в данном случае отражает долю мужских гаплогрупп Y-хромосомы, это бесспорно. Отвергнуть это просто невозможно, можно только внести некоторые коррективы.

Популяционные генетики представляют те же данные и по-другому, диаграмма ниже. Она строится по другим принципам, здесь геномные картины мутаций растягиваются в двух направлениях, что и дает показанную ниже двумерную диаграмму. По ней видно, как популяции располагаются по степени близости (или отдаленности) друг по отношению к другу.

Теперь, зная, что эти картины отражают в основном мужские гаплогруппы, интерпретировать их довольно легко. Заметим опять, что авторы статьи их так не интерпретировали, ограничиваясь просто констатацией того, что увидели. Типа – вот что мы получили, смотрите. И что же мы видим?

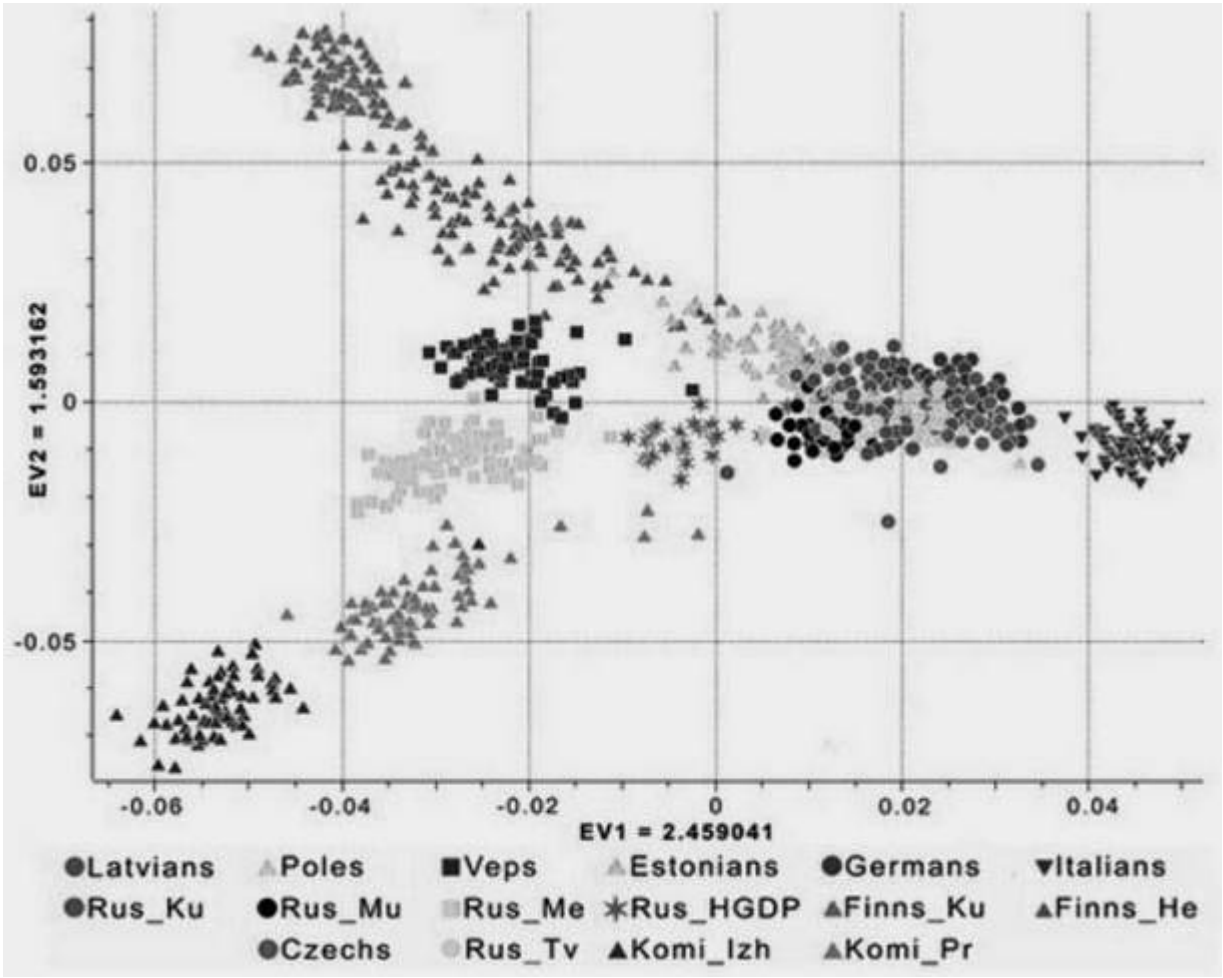


Рис. 6. Двумерная диаграмма, показывающая степень близости (или удаленности) популяций, описанных в другом виде на рис. 5.

Мы видим, что популяции с близким набором мужских гаплогрупп, в которых доминирует (или значителен по представительству) R1a, образуют один кластер. Это – русские Курской, Владимирской, Тверской областей, латыши, немцы, чехи. Там же – эстонцы, которые начинают вытягиваться в сторону финнов (что неудивительно, у эстонцев – треть гаплогруппы N1c1), а именно в направлении финнов Хельсинки, и далее полоса уходит к финнам северной провинции, у которых должен быть максимум N1c1. То есть этот трек диаграммы, в левую сторону вверх, совершенно понятен. Как понятен и хвост этого трека – там крайний справа одинокий кластер итальянцев с максимальным содержанием гаплогруппы R1b. Других таких в рассматриваемых популяциях нет. Были бы ирландцы или баски – попали бы в компанию с англичанами. Вот пусть попгенетики это и проверят.

Симметрично, слева вниз уходит другой трек – предположительно в сторону увеличения содержания гаплогруппы I или N1b. Предположительно – потому что таких данных мало, но основных гаплогрупп больше не остается. К тому же гаплогруппы I и N1b на русском севере есть и немало (см. выше). Сначала вниз и влево пошел «референсный русский геном», который, как и описывалось выше, скорее угро-финский. В том же направлении потянулись вепсы и Мезенская популяция, с ее 7.4 % гаплогруппы N1b (в Пинеге 15.8 %), и далее коми – прилужские, и в конце трека – ижемские.

В целом же исследование полезное, оно позволяет понять, что лежит в основе вариаций в геноме, задающих глубинные различия между популяциями. Эти различия идут из тьмы тысячелетий, и что особенно интригует – они определенно завязаны на мутации, определяющие мужские гаплогруппы. Это – совершенно новая концепция, и решать эту загадку надо в содружестве генетиков и ДНК-генеалогов.

В сети нередко приходится встречать «мнения», в том числе и от биологов по образованию, которые пишут (цитата) – «Y-хромосома является ничтожной частью генома, и ее совпадения ни о каком реальном родстве не свидетельствуют». Автор той цитаты тоже рассуждает «по понятиям», и плохо знаком с литературой по этому вопросу. Да, собственно, здесь дело не столько в литературе (авторы статей тоже часто пишут «по понятиям»), сколько в собственном рассмотрении данных. Если опыта нет, то мнение ровным счетом ничего не стоит.

Вопрос 30: **Есть ли «русская ДНК» или «русский геном»?**

Говоря об отдельных людях – нет. Если говорить о большой группе этнических русских – в целом есть. Собственно, пример, описанный в предыдущем разделе, это показывает. И понятно, почему есть. Свои обычно, статистически, женятся на своих, как и выходят замуж. Вряд ли в русских деревнях встречали много чернокожих, монголов, австралийских аборигенов или американских индейцев. Поэтому в целом одни и те же огромные наборы снип-мутаций крутятся в популяции веками, вносимых мужчинами и женщинами этой популяции. Если построить карту мира, состоящую из таких популяций, то африканские будут совершенно отличны от монгольских, китайских, латиноамериканских, или европейских. Здесь я пишу «европейских» более осторожно, потому что разойдутся ли они по разным «цветам», или останутся однородными по всей Европе зависит от того, как представлять данные, на каком уровне обработки и приближения. Нередко бывает, что, например, русских от французов не отличить, но если перейти на другой уровень обработки данных, то различаются.

Вопрос 31: **Каковы перспективы геномного анализа популяций и их истории?**

В целом перспективы у популяционного анализа геномных данных – но это все равно пока не ДНК-генеалогия – огромные, но пока мы находится в самом начале этого пути, идя методом проб и ошибок. Примитивизм обработки данных и получаемых выводов порой просто шокирует, хотя сами исходные данные определенно замечательны. Срезание углов и шапкозакидательство в науке никогда не помогали. К сожалению, у популяционных генетиков не принято при анализе генома давать погрешности расчетов, приводить

альтернативные варианты интерпретаций данных, и воздерживаться от мнений, которые в избытке вбрасываются в статьи. В итоге достоверность полученных интерпретаций часто не просто нулевая, а имеет отрицательную величину. Целый ряд рассмотрений подобных статей с «геномным анализом» приведен на сайте «Переформат» – http://pereformat.ru/klyosov/

Например, недавно (2015) по миру прошла широковещательная информация, что геномные данные показали, что носители гаплогруппы R1b из ямной археологической культы (нынешняя Самарская область) принесли в Европу индоевропейские языки. Там что ни слово, то недоразумение. Во-первых, авторы не получили никаких данных, что носители ямной культуры (примерно 5300 лет назад), гаплогруппа R1b, говорили на индоевропейских языках, это было просто придумано. Да и как могли получить? Выкопаннные кости они и есть кости, они не говорят. Всё, что определили, это то, что ДНК в них относилась к гаплогруппе R1b. Далее, то, что носители той ДНК/R1b пришли из ямной культуры в Европу (и принесли ИЕ языки), было провозглашено только на том основании, что в Европе много гаплогруппы R1b. Иначе говоря, авторы просто провели прямую линию между ямной культурой и Европой. Они даже не посмотрели на то, что они нашли не просто R1b, а ее субклад R1b-Z2103/Z2105, которого в Европе почти нет. Миграционный путь субклада Z2103/Z215 был не в Европу, а на юг, в Месопотамию и на Ближний Восток, где этого субклада множество, причем с той же датировкой 5000–6000 лет назад. Но в Месопотамии сейчас нет индоевропейских языков, как нет нигде на миграционном пути гаплогруппы R1b из Южной Сибири в Европу, с основным входом через Пиренейский полуостров, где у басков имеется около 90 % гаплогруппы R1b, и язык опять неиндоевропейский.

Это, к сожалению, типичный пример, как популяционные генетики используют геномный анализ для «изучения истории». Много других – на сайте http://pereformat.ru/klyosov/.

Вопрос 32: **Насколько точны (или неточны) расчеты в ДНК-генеалогии?**

Отвечу в два приема. Эта часть ответа – скорее качественная, концептуальная. Вторая часть, количественная, будет в разделе «Расчетные методы ДНК-генеалогии» (Часть II).

Все расчеты в ДНК-генеалогии производятся с погрешностями. Точные цифры получены быть не могут в принципе. Дело в том, что мутации неупорядоченные, поэтому мы имеем дело со статистикой.[41] Чем больше выборка, тем точнее расчеты. Чем длиннее гаплотипы – тем точнее расчеты. Погрешность зависит от числа гаплотипов в выборке, от протяженности гаплотипов, от того, насколько точно определена и выверена, откалибрована константа скорости мутации, от того, насколько древний общий предок. Особенно неточно сравнивать мутации в парах гаплотипов, особенно гаплотипов коротких. На двух гаплотипах мутация-другая могла добавиться буквально в предыдущем или нынешнем поколении. Это может сразу привести к прибавлению-отнятию тысячи лет «в одном поколении». А в большой выборке разница относительно нивелируется статистикой. Есть выборки в тысячи гаплотипов – там расчеты, конечно, точнее.

В ДНК-генеалогии часто важна не абсолютная точность, а концептуальный вывод. Например, если некто утверждает, что носители гаплогруппы R1b (которые сейчас составляют примерно 60 % мужского населения Западной и Центральной Европы), жили там, в Европе, еще 30 тыс. лет назад (а такими утверждениями популяционных генетиков, без расчетов, была заполнена академическая литература по данным вопросам до недавнего времени), а расчеты ДНК-генеалогии показали 4800 лет назад[42], то здесь дело не в точности,

---

[41] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216.

[42] Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

а в принципиальном выводе. То же самое по ДНК-генеалогии Кавказа – если данные показывают, что Кавказ заселялся носителями гаплогруппы J2 из Месопотамии примерно 7–6 тыс. лет назад, причем заселялся разными племенами и по разным территориям, и уже известно какими именно, и в какое время, то это дает важные данные историкам и археологам, которые продолжают горячо спорить по данным вопросам. То же самое по ДНК-генеалогии Прибалтики – данные показывают, что Прибалтика со стороны Финляндии и со стороны Южной Балтики заселялась всего 2000–2500 лет назад (со стороны Южной Балтики примерно на 500 лет раньше), но сами мигранты, которые на исходе миграции разделились на две большие ветви – северная и южная – имеют общего предка примерно 3575 лет назад, который, видимо, жил на Урале[43].

Вопрос 33: **В какой степени гаплотипы определяются территориями и регионами?**

Гаплотипы в немалой степени (но не всегда) связаны с определёнными территориями. Причина в том, что в древности большинство людей передвигались племенами, родами. Род, по определению, это группа людей, связанных родством, то есть происходят (по мужской линии) от одного общего предка. То есть гаплотипы у них обычно одинаковые или близкие. Как сообщалось выше, одна мутация в среднем происходит за тысячелетия. Проходили тысячелетия, численность родов порой сокращалась до минимума («бутылочное горлышко» популяции), и если выживший имел некоторую мутацию в гаплотипе, то его потомки уже «стартовали» с этой новой мутацией, копируя ее поколениями в своих ДНК, а мужчины – в своей Y-хромосоме. В популяционной генетике это называется «эффект основателя», что, в общем, особой дополнительной смысловой нагрузки не несет, это просто калька с английского языка, в котором это тоже не несет определенной информации. Некоторые люди покидали род по своей или чужой воле – плен, бегство, путешествия, военные походы, и выжившие начинали новый род на новом месте. В итоге карта мира с точки зрения ДНК-генеалогии получилась пятнистой, и каждое пятно порой имеет свой превалирующий гаплотип – гаплотип рода. Часто он и есть гаплотип предка, начавшего род на данной территории.

Вопрос 34: **Получается, людей можно классифицировать по виду гаплотипов и снипов?**

Да, это именно так. Например, носители гаплогрупп A и B сейчас в основном живут в Африке (но где эти гаплогруппы появились, пока непонятно, похоже, что не в Африке); гаплогруппа C встречается особенно часто среди монголоидов и жителей Австралии и Океании, хотя жители Австралии и Океании далеко не монголоиды (что показывает, в совокупности с другими данными, что первые носители гаплогруппы C были не монголоидны), подгруппы (субклады) далеко отклонились друг от друга в ходе развития или эволюции; гаплогруппу G находят в древней Европе (в основном ископаемые гаплотипы), на Кавказе, в Передней Азии, в Афганистане; гаплогруппа J – образовалась или в древнейшие времене перешла на Ближний Восток, и оттуда многие носители гаплогруппы J и ее субкладов J1 и J2 перешли Кавказ не позднее 6–7 тысяч лет назад; представителей гаплогруппы J1 довольно много на Кавказе, а также среди арабов и евреев на Ближнем Востоке, гаплогруппы J2 много на Кавказе, в Месопотамии и среди жителей Средиземноморья; гаплогруппа L появилась, похоже, в Передней Азии или на Ближнем Востоке, и разошлась в разные стороны – ее подгруппа (субклад) Lia – в Индии, Lib – в Грузии, Lic – в Афганистане, в северном Пакистане, на восточном Кавказе.

Гаплогруппу N имеют многие жители Китая, Сибири, севера России, Прибалтики и

---

[43] Клёсов, А.А., Пензев К.А. Арийские народы на просторах Евразии, М., Книжный мир, 2014, глава 7, стр. 233.

части Скандинавии, куда и прибыли носители гаплогруппы N с востока – Урала и до того Южной Сибири тысячелетия назад.

Гаплогруппа I – возможно, имеет историю на Русской равнине продолжительностью не менее 40–45 тысяч лет, и после почти полного вымирания или истребления примерно 4500 лет назад сейчас почти исключительно находится в Европе, где возродилась относительно недавно, 3700–2300 лет назад (для I1 и части I2, соответственно).

Гаплогруппы R1a и R1b появились в Южной Сибири после долгой миграции их предков, носителей гаплогруппы K, из которой образовалась гаплогруппа P и затем Q и R, возможно, из Европы или с Русской равнины на восток, далеко за Урал. Оттуда гаплогруппы R1a и R1b пришли в Европу, причем разными миграционными путями. R1a стала основной гаплогруппой Восточной Европы, R1b – западной и центральной Европы.

Данное положение сводится к тому, что у каждого мужчины есть снип из определённого набора, по которому можно отнести носителя к определённому древнему роду. Времена появления снипов, обычно применяемых в ДНК-генеалогии, относятся к диапазону от 25–40 тысяч лет для «старых» снипов до 10–15 тысяч лет для «молодых», но сейчас уже выявляют снипы, образовавшиеся всего 600-1000-1500 лет назад. Четверть всего ирландского мужского населения имеют снип (R1b-M222), который образовался примерно 4300 лет назад, но прошел бутылочное горлышко популяции в начале нашей эры, и общий предок этой четверти населения жил всего 1800 лет назад. В континентальной Европе снипа M222 практически нет.

Для иллюстрации положения о снипах стоит еще раз взглянуть на сокращенную диаграмму субкладов гаплогруппы R1a, приведенную в ответе на 20-й вопрос.

Вопрос 35: **Сколько всего имеется основных родов, или гаплогрупп человечества?**

Гаплогруппы не просто соответствуют своим родам, но образуют определённую последовательность, лестницу гаплогрупп[44]показывающих их иерархию – последовательный, ступенчатый переход от точки расхождения африканских и неафриканских популяций (примерно 160 тыс. лет назад) до самой недавней гаплогруппы R, образовавшейся примерно 30 тыс. лет назад. Эта лестница называется филогенетическим деревом гаплогрупп и их снипов. Все гаплогруппы и субклады на дереве должны включать снипы «вышестоящих» гаплогрупп и субкладов. То есть принцип «лесенки» должен выполняться. Преемственность узловых родов человечества должна соблюдаться.

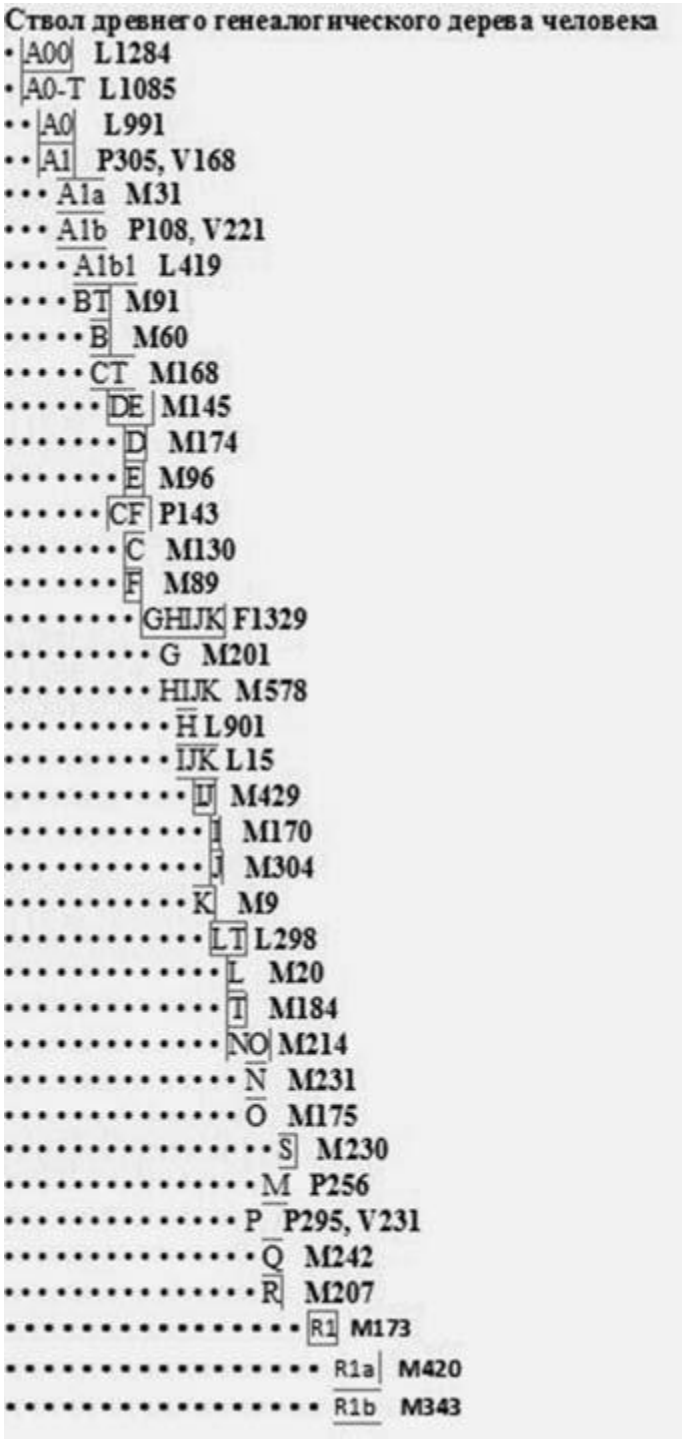
Всего в мире насчитывают 20 основных гаплогрупп, которые обозначают буквами латинского алфавита, от A до T, хотя систему порой нарушают. В последнее время в классификацию добавили гаплогруппы A0 и A00, хотя их носителей обнаружили в количестве считанных единиц, все они живут в Африке. Но они настолько отстоят по снип-мутациям от всех остальных людей на Земле (тестированных на мутации в ДНК), что их пришлось выделить в отдельный род-гаплогруппу. Помимо этого, были идентифицированы промежуточные, сводные гаплогруппы, такие, как CT, DE, GHIJK и другие (см. диаграмму ниже), так что минимальный состав генеалогического дерева мужской половины человечества включает уже 39 основных гаплогрупп, то есть главных уровней Y-хромосомной генеалогической структуры. С подгруппами это составляет уже много сотен.

Если же считать все уровни генеалогического дерева (уровень в этом случае – это субклад), то гаплогруппа R1a, основная гаплогруппа (род) этнических русских, уже насчитывает 66 субкладов, гаплогруппа R1b – 443 субкладов, и это при том, что на

---

44 http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html, / Интернет-сайт «International Society of Genetic Genealogy».

диаграмме ниже они обе входят в сводную гаплогруппу R, которой примерно 30 тысяч лет со времени образования. Образовалась гаплогруппа R при появлении необратимой мутации в виде спонтанного превращения одного нуклеотида в другой в ДНК (Y-хромосоме) патриарха, или его выжившего потомка, в свою очередь потомки которого дожили до настоящего времени в количестве более миллиарда человек. Если точнее, то у него, патриарха гаплогруппы R, по сравнению с ДНК его отца (относящегося к гаплогруппе P) произошло спонтанное превращение аденина в гуанин, и это произошло в участке Y-хромосомы под номером 15 миллионов 581 тысяч 983. Всего же в Y-хромосоме мужчин насчитывается, как сообщалось выше, примерно 58 миллионов нуклеотидов.



Всё это делает филогенетическое дерево гаплогрупп достаточно прочной и обоснованной структурой. У него есть, впрочем, слабое место – его филогения не

показывает, на каком континенте зародилось человечество, откуда пошли гаплогруппы, начиная с первых, на общем стволе, идущими от нашего общего предка с современным шимпанзе. Говоря языком филогении, дерево гаплогрупп не «укоренено». Укоренение дерева – результат интерпретаций, наблюдений и доступных экспериментальных данных.

Вопрос 36: **Можно ли представить ДНК-генеалогическое эволюционное дерево человека с максимально сжатой форме, и дать комментарии для его самой ранней части?**

Результаты недавних исследований о происхождении человечества методами ДНК-генеалогии представлены на следующей диаграмме, на которой также показаны времена появления основных Y-хромосомных ветвей человечества.

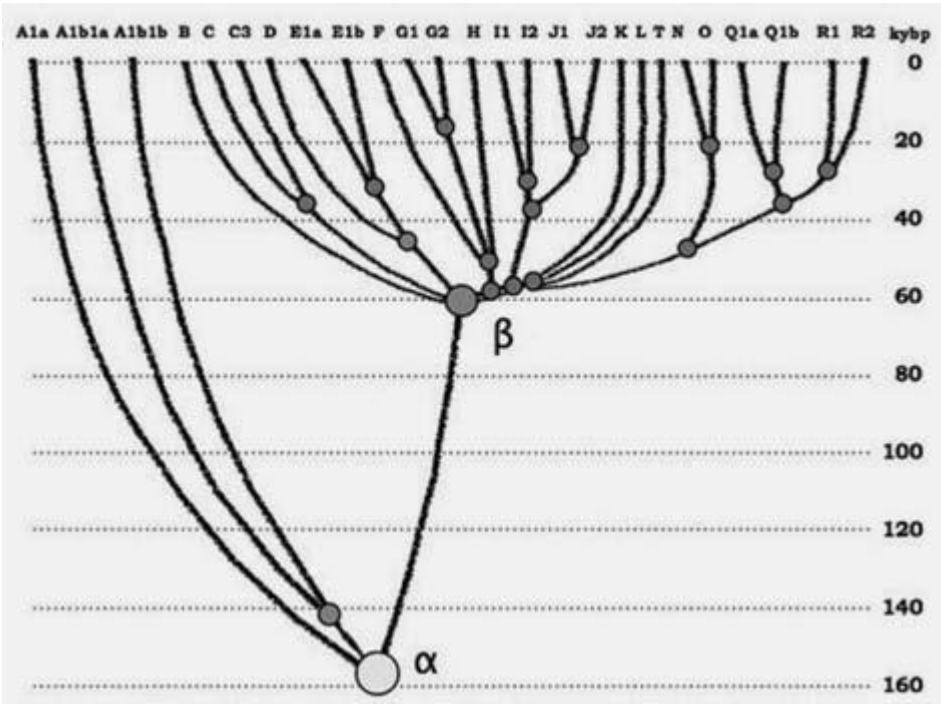
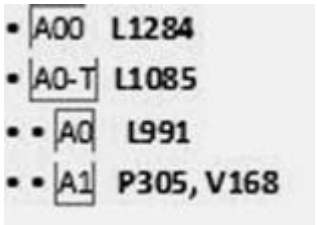


Рис. 6а. Диаграмма эволюции гаплогрупп современного человечества. На горизонтальной оси – основные гаплогруппы Y-хромосомы человечества, на вертикальной – абсолютная шкала времени. Общий предок альфа-гаплогруппы жил примерно 160 тысяч лет назад, общий предок бета-гаплогруппы (или гаплогрупп от B до T) – 64±6 тысяч лет назад(из статьи [45]).

Естественно, эволюционное дерево уходит от альфа-гаплогруппы вниз, как это показано в верхней части предыдущей диаграммы, где расхождение гаплогруппы A0-T на A0 и A1 и соответствует, видимо, расхождению двух ветвей, африканской (по месту прибытия) A0 и неафриканской A1:



[45] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

Датировка этого расхождения по гаплотипам дает примерно 160 тысяч лет назад, но датировка по снипам пока является менее определенной. Компания YFull, наиболее продвинутая в датировках по снипам, сообщает, что гаплогруппу A00 отделяет от настоящего времени 1684 снипа, и потому дает для образования гаплогруппы A00 время 234900±7700 лет назад, что скорее означает 235000±8000 лет назад, потому что давать датировки с точностью до сотни лет при погрешностях в тысячи лет не является математически корректным. Гаплогруппу A0-T отделяет от настоящего времени 587 снипов, то есть в три раза меньше, но YFull дает для нее те же 234900±7700 лет, только исходя из того, что эти гаплогруппы на дереве «параллельны». Это, конечно, недопустимо, поскольку имеем конфликтные показатели -587 снипов соответствуют примерно 82000 лет, что, конечно, в этой ситуации мало.

Для гаплогруппы A0 компания YFull приводит 899 снипов, но датировки не приводит, хотя это соответствует примерно 125000 лет, если исходить из принятой пропорциональности датировок числу снипов. Для «параллельной» гаплогруппы компания приводит всего 62 снипа, но выставляет датировку 146300 лет, которая в таком случае непонятно, откуда появилась. Все это показывает, что расчеты по снипам пока не устоялись, и потому будем опираться на ранее рассчитанную величину расхождения ДНК-линий от альфа-гаплогруппы примерно 160 тысяч лет назад, как рассчитано по мутациям в гаплотипах.

Примерно 64 тысячи лет назад предки современных неафриканцев прошли «бутылочное горлышко популяции», и именно к этому времени сходятся все изученные до настоящего времени ДНК-линии гаплогрупп от B до T. Видимо, наиболее обоснованной гипотезой об основной причине обрыва генетических линий неафриканцев 64 тыс лет назад является катаклизм планетарного масштаба, вызванной падением метеора в Тихий океан в указанное время[46]. Он привел к тому, что древние африканские гаплогруппы тоже вымерли и сейчас не обнаруживаются. Поэтому ровно никаких генетических оснований для утверждения, что современное человечество вышло из Африки нет, это просто фантазийная (а скорее, совершенно натянутая) схема. Фактически, она полностью строится на положении, что «африканцы более разнобразны» по Y-хромосомам, чем неафриканцы, но диаграмма выше показывает причины этого более высокого разнообразия. Вторая причина более высокого разнообразия в Африке – что в течение десятков тысяч лет в Африку мигрировали носители практически всех гаплогрупп человечества (например, в Камеруне и Чаде сейчас живут многие носители гаплогруппы R1b, пришедшие туда тысячелетия назад), которые, естественно, увеличивали «разнообразие», смешиваясь с африканцами. Подобная же диаграмма построена и для митохондриальных ДНК, присущих в первую очередь женщинам. Вывод один – предки современных неафриканцев из Африки не выходили, напротив, они прибывали в Африку и увеличивали африканское генетическое разнообразие.

Вопрос 37: **Можно ли рассчитать, когда жил общий предок всех сегодняшних людей на Земле?**

Можно, с определенной степенью допущений. Первое и самое главное допущение – что общий предок сегодняшних людей на Земле на самом деле существовал. Естественно, речь не идет о том, что на Земле когда-то жил один мужчина, и с ним рядом была одна женщина, как повествует библейская притча. Такого никогда не было. Во все времена было множество мужчин и множество женщин, а до них было множество самцов и самок, предшественников тех самых мужчин и женщин, и переход одних в других занял миллионы лет, и никто не может дать четких определений, в чем выражался этот переход, это все вопросы определений, которых, в общем-то, нет. Да, наверное, никого это отсутствие четких

[46] http://pereformat.ru/2015/10/africa-dna-vol2/

определений особенно и не беспокоит.

Чисто концептуально, «общий предок» всех людей на сегодняшней планете – это тот, потомство которого выжило, в отличие от множества его современников, и продолжилось в потомках до настоящего времени. Помимо этого – это был тот человек, у которого было как минимум два сына, потомство которых выжило до настоящего времени. Как следствие первых двух условий, все потомки унаследовали снип-мутации своего «первопредка», и добавили снип-мутации в последующем. Поэтому есть еще одно условие, точнее, следствие – мутации в гаплотипах потомков при экстраполяции в прошлое сходятся к «первопредку». Таким образом, можно определелить его гаплотип, независимо от того, как давно он жил.

Но в реальности картина более сложная – ДНК-линия от первопредка к сегодняшним потомкам часто выглядит как цепь сосисок в перетяжками во многих местах. Эти места – бутылочные горлышки популяции, и порой перетяжки образуют такие сужения, что при расчетах они тоже формально соответствуют одному человеку, патриарху после прохождения бутылочного горлышка. Иначе говоря, имеем последовательную цепь патриархов. Это легко представить на примере хрестоматийного «последнего из могикан» Фенимора Купера. Вспомним сюжет – от всего племени могикан остался один мужчина. Умрет он – и вся линия ДНК, идущая из глубин, возможно, 12–15 тысяч лет назад, оборвется. Для следующего поколения американских индейцев могикан как бы и не существовало, несмотря на их многотысячелетнюю историю. Но если «последний из могикан» выживет, женится, обзаведется сыновьями – он станет патриархом для последующих поколений его рода.

Подобных случаев в истории Земли было, видимо, неисчислимое количество.

В итоге вопрос про «общего предка человечества» несколько расплывается. В каждой прямой ДНК-линии её общий предок жил относительно недавно – где сотни лет назад, где тысячу-другую лет назад. Но совокупность ДНК-линий, даже только выживших, помещает общих предков на 20–40 тысяч лет назад в каждой гаплогруппе. Совокупность ДНК-линий разных гаплогрупп помещает общего предка неафриканцев на 64±6 тысяч лет назад, до наиболее отдаленного бутылочного горлышка популяции, а африканцев – примерно на 217 тысяч лет назад[47], но это не потому, что африканские предки древнее, а потому что по какой-то причине совокупность африканских (по их нынешнему месту обитания) ДНК-линий прошла бутылочное горлышко популяции намного ранее.

TMRCA	217436				
standard deviation	84643	3	100		
STR	age of haplotype	DYS426	DYS388	DYS392	DYS455
P = 1/k (mutation rate constant)		0.00009	0.00022	0.0004	0.0001
Variance/P		5556	9091	5000	0
AverageValueSTR		13	12	11	10
		-0.28	-0.18	-0.30	-0.44
		0.36	0.58	0.32	0.00
(A00, Mbo)		13	11	12	10
(A0-V166)		12	13	10	10

Расчет времени жизни общего предка гаплогрупп A0 и A00 с помощью калькулятора Килина-Клёсова (показан фрагмент калькулятора)

47 Клёсов, *А.А.,* Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

Можно ли считать, что 217 тысяч лет назад жил общий предок современного человечества? Нет, нельзя. Потому что неафриканские и африканские ДНК-линии сходятся к общему предку примерно 160 тысяч лет назад. Именно тогда разошлись африканские и неафриканские (по нынешнему месту обитания) ДНК-линии. Но глубже во времени уходит общий эволюционный ствол африканцев и неафриканцев, который расходится на гаплогруппы A00 и A0-T примерно 217 тысяч лет назад. У нас нет оснований не считать носителей гаплогрупп A00 и A0-T членами вида Homo sapiens, так что общий предок современного человечества уходит глубже 217 тысяч лет назад. Но еще глубже, 300-400-500 тысяч лет назад, уже времена образования неандертальцев, которых вряд ли можно считать общими предками современного человечества. Вот и очерчены рамки времен возникновения общего предка современного человечества. Называть его «Адам», чем увлекаются некоторые, нет никаких оснований.

Вопрос 38: **Почему в ДНК-генеалогии за поколение принимается 25 лет? Ведь протяженность поколения – величина нестабильная. Как это сказывается на расчетах в ДНК-генеалогии?**

Действительно, в расчетах ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями, потому что при расчетах на один год константы скоростей мутации имели бы много нулей, а много нулей увеличивает вероятность ошибки. Например, для 12-маркерных гаплотипов (в стандартной системе FTDNA) величина константы скорости мутации равна 0.02 на гаплотип за условное поколение, или 0.0008 на гаплотип за год, или 0.0000666 на маркер за условное поколение. Условное поколение в контексте ДНК-генеалогии – это событие, которое происходит четыре раза в столетие. Численно и по времени оно близко к продолжительности поколения в житейском смысле этого слова, но не обязательно равно ему. Хотя бы потому, что продолжительность «бытового» поколения не может быть точно или хотя бы в среднем определена, она «плавает» в реальной жизни в зависимости от многих факторов, включая культурные, религиозные и бытовые традиции, примерно и в среднем от 18 до 36 лет, хотя границы этого не определены.

Такие организации, как ООН и ее подчиненные организации, как ЮНЕСКО и другие, как и прочие международные организации обычно принимают в своих подсчетах и рекомендациях продолжительность поколения в 25 лет, это же обычно принимают и демографы, например, в работе[48]. Это все, разумеется, условности, и приняты только для некоторой стандартизации. Популяционные генетики рекоментациями ООН не руководствуются, и, в общем, правильно, но при этом используют продолжительности поколения кто во что горазд. Никакой научной основы в это не закладывают, поэтому уйдя от одних рекомендаций они никаких других не выработали. Только что вышла статья по геномному анализу, там в расчетах применяли 29 лет на поколение, на каком основании – не пояснили[49]. Другие берут от 18 до 35 лет на поколение.

В ДНК-генеалогии произвольные значения продолжительности поколений не используются, поскольку использовать столь «плавающую» величину для расчётов в широких временных диапазонах и для разных народов не представляется возможным или разумным. Исходя из этого положения, скорости мутаций откалиброваны под условно взятое поколение продолжительностью 25 лет.[50] Если кому-то больше нравится 30 лет на

---

48 http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2882688/

49 Busby, G.B.J. et al (2015) The role of recent admixture in forming the contemporary West Eurasian genomic landscape. Current Biol. 25, 1–9.

50 Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216.

поколение или любое другое количество лет, скорости можно перекалибровать, и в итоге окажутся ровно те же величины в годах. Так что сколько лет приходится на поколение – в данном случае не имеет значения, потому что при расчётах меньшему числу лет на поколение будет просто соответствовать пропорционально большее число поколений, и итоговая величина в годах не изменится.

Например, для 67-маркерных гаплотипов средняя константа скорости мутаций равна 0.12 на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Поэтому при 120 мутаций на 50 гаплотипов общий предок этих 50 гаплотипов жил 120/50/0.12 = 20 условных поколений назад, то есть 20x25 = 500 лет назад. Если кому-то не нравится величина 25 лет на условное поколение (правда, причины такой нелюбви к 25 годам на поколение будут загадочными), и этот некто захочет использовать 30 лет на поколение, то нет проблем, просто константу скорости мутации придется пропорционально пересчитать, и она получится 0.12x30/25 = 0.144 мутаций на поколение в 30 лет. Тогда для 120 мутаций имеем 120/50/0.144 = 16.666 поколений по 30 лет, или те же 500 лет до общего предка. От чего ушли, к тому же и пришли.

Вопрос 39: **Какие требования предъявляются к выборкам гаплотипов для расчетов в ДНК-генеалогии?**

Как уже пояснялось выше, если взять любую выборку, тупо считать количество мутаций в гаплотипах, и разделить его на число гаплотипов и на константу скорости мутации, то что-то, конечно, получится. Именно так и проводят «расчеты» популяционные генетики. Но на самом деле там скорее всего получится некое бессмысленное число в поколениях или годах до якобы общего предка. Но откуда известно, что для данной выборки общий предок был один? А ведь так всегда и работают попгегетики, усредняя любые выборки. Поскольку после некоторых проб и ошибок ими было найдено, что таким образом происходит «умоложение» общих предков выборок, то попгенетики не нашли ничего лучшего, как втрое занизить величину константы скорости мутаций. Собственно, они ее «константой» никогда и не называли, просто «популяционная скорость мутаций». Вот так и работали – за счет усреднения время до общего предка занижали в неизвестное число раз, а за счет искусственного занижения «скорости мутаций» его опять увеличивали, правда, опять в неизвестное число раз, по принципу – «авось скомпенсируется». А оно не компенсировалось, а либо получалось значительно заниженным, либо значительно завышенным. Когда общий предок выборки был случайно один, то завышение времени до него составляло обычно 280–350 %. Так и работали, и вот такими завышенными датировками заполонили академические журналы.

Честь нанесения такого ущерба науке, если попгенетику называть наукой, принадлежит Л.А. Животовскому, сотруднику Института общей генетики РАН. На основании какого-то вывиха здравого смысла, эту «популяционную скорость» узаконили после 2004 года, и более десяти лет в академических журналах гнали откровенный мусор. Широко известны «датировки» «общего предка» гаплогруппы R1a в Индии, которые Животовский с соавторами (эстонская школа попгенетики) загнали в 12–15 тысяч лет назад, когда они на самом деле составляют 3500–4000 лет назад, для разных выборок. Это на долгие годы не только затормозило изучение истории ариев в Индии, но и направило изучение истории по ложному пути. Этим отличился, например, некто Семененко из Воронежа, представляющийся как «индолог», для которого главный аргумент для отстаивания этих безумных датировок был, что они опубликованы «уважаемыми людьми», «известными специалистами». Нет и не может быть таких критериев в науке, а если их применять, то только как вторичные, вспомогательные.

Возвращаясь к исходному вопросу, только те мутации в гаплотипах имеет смысл рассчитывать, экстраполируя ко времени общего предка, которые подчиняются определённым количественным закономерностям. ДНК-генеалогия оперирует тремя экспериментальными факторами: 1) наличием снипов, относящих человека к определённому

роду; 2) наличием мутаций, позволяющих оценивать время, прошедшее от общего предка совокупности гаплотипов и – при больших выборках – от начала самого рода, от самого далёкого из предков ныне живущих потомков данного рода (то есть здесь считаются сами мутации); 3) закономерностями переходов гаплотипов в их мутированные формы, без численного учёта самих мутаций (то есть здесь мутации не считаются, считаются немутированные гаплотипы).

Это позволяет оценить, насколько достоверны расчёты времени жизни общего предка по мутациям, и даёт ещё один, независимый способ расчетов. Методы, в которых считаются мутации, называются линейным, квадратичным и пермутационным,[51] из которых наиболее прост линейный метод. Метод, в котором считаются немутированные гаплотипы, называется логарифмическим. В принципе, он использует формулы химической кинетики первого порядка (дополнительно вводя поправку на возвратные мутации). В линейном методе общее число мутаций в серии гаплотипов делится на число гаплотипов и на константу скорости мутации для данных гаплотипов, как было показано выше. В логарифмическом методе берется логарифм отношения общего числа гаплотипов к числу немутированных гаплотипов, и делится на константу скорости мутации, как тоже было показано выше.

Очень важно понять, что если линейный и логарифмический методы дают разные времена до общих предков, то выборка «кривая», то есть неоднородная, и происходит от нескольких общих предков, как минимум от двух. Получаемые времена до общих предков тогда лишены определенного смысла, предок «фантомный».

Приведем пример. Имеем неоднородную выборку из 300 гаплотипов в 25-маркерном формате, в которой 200 гаплотипов происходят от общего предка, который жил 3000 лет назад, и 100 гаплотипов – от предка, который жил 800 лет назад. Если мы построим дерево гаплотипов, то сразу увидим, что 200 гаплотипов образуют одну большую и глубокую (высокую) ветвь, и 100 гаплотипов – плоскую ветвь. Тогда сразу можно разделить ветви, и каждую из двух ветвей обсчитывать отдельно. В первой ветви из 200 гаплотипов все 25-маркерные гаплотипы будут разными (то есть логарифмический метод с ними работать не будет), что уже покажет, что общий предок жил более 2500 лет назад (при 2500 годах в выборке могли бы быть два одинаковых гаплотипа, потому что [ln(200/2)]/0.046 = 100 условных поколений, или 2500 лет до общего предка). На все 200 гаплотипов будет 1104 мутаций от базового гаплотипа, что даст 1104/200/0.046 = 120 условных поколений, или 120x25 = 3000 лет до общего предка (вкладом возвратных мутаций здесь для простоты пренебрегаем).

Во второй ветви из 100 гаплотипов в 25-маркерном формате 23 гаплотипа будут идентичными друг другу. Это даст [ln(100/23)]/0.046 = 32 условных поколений, то есть 800 лет до общего предка. Иначе говоря, если смешать эти 200 и 100 гаплотипов, то в этой смеси 23 гаплотипа будут одинаковыми (из молодой ветви), и мы получим [ln(зоо/2э)]/о.046 = 56 условных поколений, то есть якобы 1400 лет до общего предка якобы одного для всех 300 гаплотипов. А мутаций во всей составной, неоднородной выборке будет 1251, если базовые гаплотипы обеих ветвей случайно совпадут. Тогда линейный метод даст 1251/300/0.046 = 91 условное поколение, или 2275 лет до якобы общего (фантомного) общего предка. Если базовые гаплотипы обеих ветвей будут разными, то время до фантомного общего предка будет практически любым между 3000 и 800 лет.

Итак, подводим итоги. Выборка составная, неоднородная, общие предки жили 3000 и 800 лет назад. Линейный метод дал фантомного общего предка 2275 лет назад, логарифмический -1400 лет назад. То, что эти времена не совпали друг с другом, говорит о том, что так считать нельзя, и выборки надо разделять. Обычно разделение проводится с использованием деревьев гаплотипов (см. следующий раздел).

---

[51] Там же.

Вопрос 40: **Выборки в ДНК-генеалогии обычно несоизмеримо малые по сравнению с реальными величинами самих популяций. Как таким выборкам можно доверять? Есть «мнения», что выборки должны иметь как минимум 10 тысяч гаплотипов, чтобы получать относительно разумные данные.**

Это совершенно ненаучная постановка вопроса, опять «по понятиям», по «мнениям», ни на чем не основанным. На это можно задать встречный вопрос, который уже был задан выше в настоящей книге – чтобы понять, что море соленое, нужно ли пробовать воду из всех бухточек? А как же химики делают анализ растворов, беря пробу всего лишь в долю миллилитра из ведра, цистерны, озера? Когда делают анализ крови, что, всю кровь из вас выкачивают? Нет. Значит, вопрос о размере пробы поставлен некорректно. Вопрос на самом деле сводится не к каким-то с потолка взятым числам, а к к тому, равномерно ли перемешана система, чтобы по малой пробе, или выборке, судить о всей системе. Этот вопрос в ДНК-генеалогии давно проработан, и результаты сопоставительных исследований показаны, например, в следующей таблице:

Таблица. История определений времени до общего предка гаплогруппы R1a на «пост-советском пространстве» по разным сериям гаплотипов. [52]

Дата	Число гаплотипов	Общее число мутаций	Время до общего предка, годы	Ссылка
Июнь 2008	26	178	4400±550	Вестник Академии ДНК-генеалогии, т.1 400-477 (2008)
Ноябрь 2008	44	326	4825±550	Вестник Академии ДНК-генеалогии, т.1 947-957 (2008)
Январь 2009	58	423	4725±520	J. Genetic Genealogy, 5, 186-216 (2009)
Февраль 2009	255	1320	4475±460	Вестник Академии ДНК-генеалогии, т.2 232-251 (2009)
Март 2009	98	711	4700±500	J. Genetic Genealogy, 5, 186-216 (2009)
Июнь 2009	110	804	4750±500	J. Genetic Genealogy, 5, 186-216 (2009)
Ноябрь 2010	148	1037	4500±470	Биохимия, 76, 634-651 (2001)
		2023	4475±460	
		2748	4475±470	
Сентябрь 2013	647	2059	4700±480	Клёсов, Пензев. Арийские народы на просторах Евразии, 2015, стр. 36
Октябрь 2015	2000	38890	4825±320	Эта книга

Из таблицы видно, что при последовательном переходе от серии из 26 гаплотипов до 2000 гаплотипов, и при увеличении числа мутаций в них в двести с лишним раз расчетное время до общего предка этих гаплотипов, в данном случае проживавшего на Русской равнине около пяти тысяч лет назад, получается практически одинаковым, в пределах погрешности расчетов. Это значит, что гаплотипы гаплогруппы R1a на пост-советском пространстве перемешаны достаточно хорошо, и все выборки вполне репрезентативны.

Конечно, могут быть и другие ситуации. Например, в горах в каждой долине состав гаплотипов (и гаплогрупп/субкладов) может заметно различаться, в отличие от того, что может наблюдаться на равнине, где гаплотипы более перемешаны за тысячелетия. Но в любом случае расчеты и выводы по гаплотипам относятся только к той конкретной выборке,

[52] Клёсов, *А.А.* (2011) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории». Биохимия, 76, № 5, 636–653. (с дополнениями)

которая рассматривалась, и только сопоставление разных выборок может показать, насколько система «перемешана», и решить вопрос об обобщении результатов расчетов и выводов на всю популяцию региона, или только ее конкретную часть. Но пока репрезентативность разных выборок наблюдается и в горах. Например, разные выборки осетин и карачаево-балкарцев дают воспроизводимые результаты для каждого из этих этносов. Перемешивание между ними обнаружено, но очень незначительное, практически не влияющее на результаты расчетов.

В большинстве случаев результаты расчетов почти не зависят от размера выборки (при числе гаплотипов больше двух-трех десятков), то есть они устойчивы к статистическим вариациям, если популяция достаточно перемешана и выборка произведена неупорядочено. Размер выборки увеличивает точность, и то только до определенных пределов. Это, повторяем, относится к довольно большим популяциям, которые перемешались за тысячелетия, но именно с такими обычно и работают.

Вопрос 41: **Что такое «деревья гаплотипов» в ДНК-генеалогии?**

По ходу изложения мы будем показывать деревья гаплотипов, которые отражают ДНК-картину этносов, родов, племен. Это вовсе не значит, что гаплотипы определяют этнос. Но они его в определенной степени описывают, каждый этнос по-разному. Человеку непривычному эти деревья представляются некими абстрактными образованиями, но в них на самом деле заключен большой смысл и в их графическом виде дается большой объем информации. Для того чтобы сделать деревья в этой книге более понятными и осмысленными, приведем несколько вводных, «модельных» примеров.

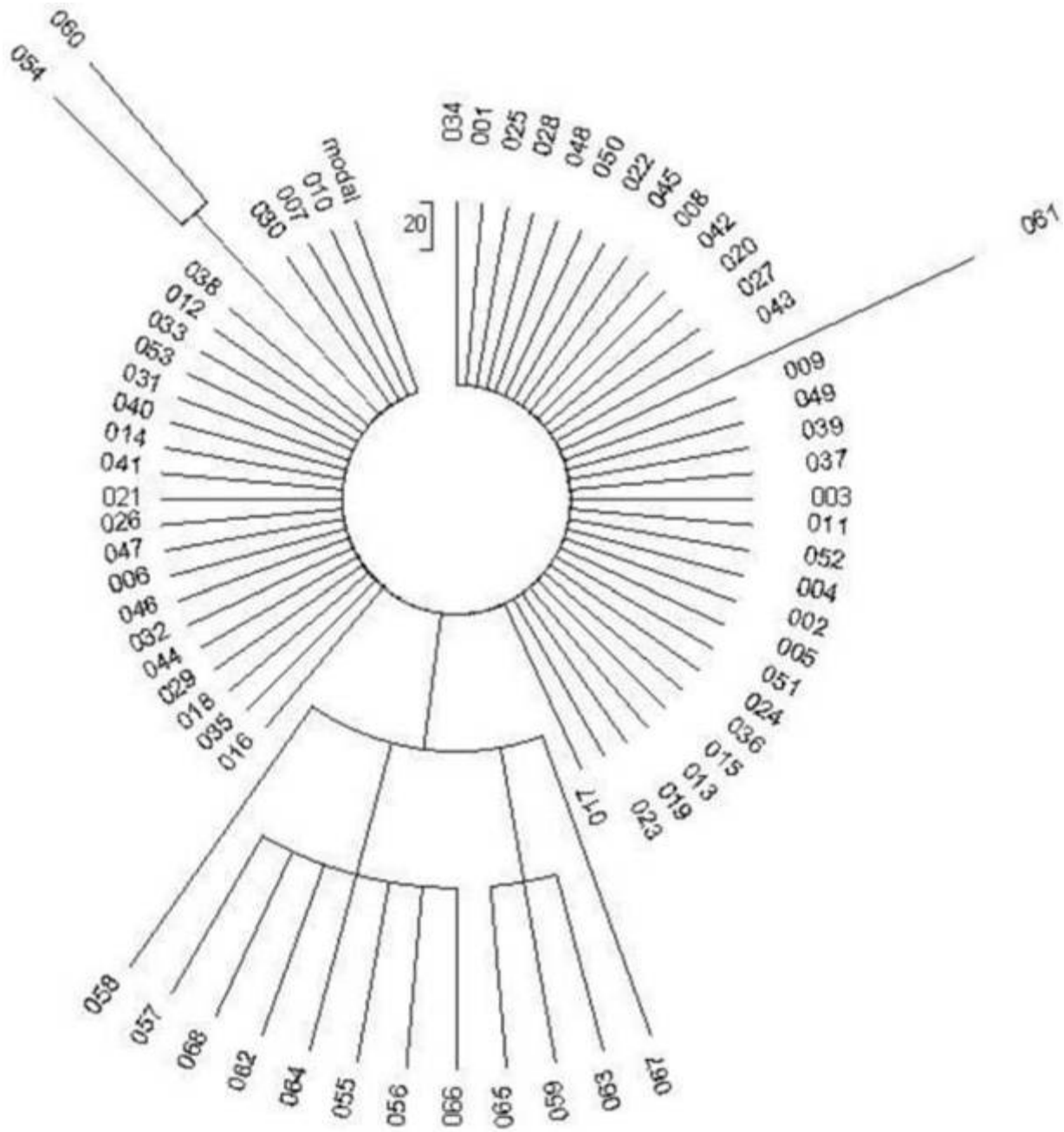


Рис. 7. Дерево, состоящее из 68 гаплотипов гаплогруппы R1a в их 6-маркерном формате. Базовый гаплотип здесь 13 25 15 11 12 11 (в системе DYS 393, 390, 19, 391, 388, 392). Базовые гаплотипы образуют «гребенку» на дереве.

На рисунке выше приведено дерево реальной выборки из 68 гаплотипов гаплогруппы R1a. Гаплотипы простенькие, 6-маркерные, общий предок всех жил всего 625 лет назад, так что мутаций в гаплотипах набежало мало. Можно даже заранее посчитать, сколько. Это дерево гаплотипов потомков Джона, Лорда Британских островов, который жил в 14-м веке и умер в 1386 году. Его потомки – известный шотландский клан Мак-Доналдов (один из Мак-Доналдов был маршалом у Наполеона). Константа скорости мутации для 6-маркерных гаплотипов равна 0.0074 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Тогда за 625 лет (25 условных поколений) в каждом гаплотипе набежит 0.0074x25 = 0.185 мутаций, и на все 68 гаплотипов будет 0.185x68 = 13±4 мутаций. Погрешность рассчитывается по обычным правилам математической статистики.

Смотрим на дерево гаплотипов. Там – 15 мутаций, то есть в пределах погрешности. Можно посчитать самим, это все «вылезающие» из колеса спицы. А вылезают они в разных (и заранее непредсказуемых) местах, потому что мутации происходят неупорядоченно. 53

гаплотипа не мутированы, они образуют ровную гребенку, или «колесо» вокруг центральной части. Это – тот же самый гаплотип, что имел общий предок всех 68 человек, то есть Джон, Лорд Островов:

13 25 15 11 12 11

53 человека этот гаплотип полностью сохранили, потому что 625 лет – это относительно малое время, и 15 мутаций – это все отклонения от предкового гаплотипа, что за это время смогли произойти.

Показанные выше шесть чисел соответствуют шести участкам в Y-хромосоме ДНК, в которых повторяются выбранные исследователями короткие нуклеотидные последовательности. В первом участке – 13 повторов, во втором – 25 повторов, в третьем – 15 повторов и т. д. Мутация – это изменение числа повторов. Ошибся копирующий фермент при биологическом копировании Y-хромосомы, скопировал третий участок не 15 раз, как завещали предки, а 16 раз, получилось

13 25 **16** 11 12 11

Это – два идентичных гаплотипа, на дереве выше под номерами 054 и 060. С правой стороны – гаплотип 061, он имеет вид

14 25 15 11 12 11

У него мутация проскочила в первом участке, было 13 повторов, стало 14. То есть опять система копирования ошиблась в сторону завышения числа повторов. А вот в семерке идентичных гаплотипов под номерами 055–057, 062, 064, 066, 068 – мутация прошла во втором участке, на понижение (25 → 24) и получилось

13 **24** 15 11 12 11

Действительно, этот участок, или маркер, как их называют, один из самых подверженных мутациям. Теория подсказывает, что в первом участке на все гаплотипы произойдет только одна мутация, во втором – семь мутаций, в третьем – две мутации. Так и получилось на практике. То есть даже при такой малой статистике закономерности в целом выполняются. Более того, все остальные пять мутаций на дереве гаплотипов относятся к тому же (второму) быстрому маркеру. Гаплотипы под номерами 059, 063 и 065 имеют вид

13 **26** 15 11 12 11

то есть мутация прошла на единицу на повышение, 25 → 26. Последние две мутации, в гаплотипах под номерами 058 и 067, оказались двойными (25 → 23, 25 → 27):

13 **23** 15 11 12 11
13 **27** 15 11 12 11

Они и сидят по обе стороны «букета», потому что не происходят одна из другой. Заметьте, что длина «спицы» в двух последних случаях тоже двойная, по сравнению со всеми остальными. То есть по виду дерева гаплотипов можно сказать, какие мутации одиночные, какие – двойные или тройные.

Внешний вид «дерева» определяется настройками профессиональной компьютерной программы, которая строит его на основании вводимого списка гаплотипов. Она сортирует гаплотипы по ветвям, то есть по похожести гаплотипов, сортирует по тому, в каких маркерах

произошли мутации, сколько мутаций произошло, и по тому, насколько ветви древние. Поэтому по виду дерева человек опытный сразу может понять, какова структура той или иной популяции, сколько в ней основных ветвей, каков относительный возраст ветвей, и далее по числу мутаций в ветвях рассчитать, когда жил общий предок каждой ветви. Таких компьютерных программ много, наиболее известная – PHYLIP, с преобразованием MEGA.

По виду базовых гаплотипов в разных регионах и по возрасту их ветвей можно устанавливать, откуда, куда и когда проходили древние миграции людей и где сейчас живут их потомки. То есть можно проводить ДНК-генеалогическое картирование регионов, материков, и всей планеты, как в пространстве, так и во времени. В этом – методология ДНК-генеалогии. А дальше идут интерпретации получаемых данных в терминах истории, языкознания, антропологии, стыковка их с известными данными (тогда это по сути «калибровка»), или с данными неустоявшимися, сомнительными, конфликтными – тогда это дополнительная «точка опоры», или, наконец, это введение в научный оборот совершенно новых данных, и открытие пути для их верификации, проверки, обсуждения, выдвижения новых гипотез и положений.

Следующие несколько вопросов с соответствующими ответами образуют своеобразный глоссарий, или словарь. Ряд понятий были уже рассмотрены ранее, но повторение – мать учения. Это вопросы-ответы помогут многим еще раз взвесить, насколько усвоен материал, и насколько могли быть пропущены некоторые детали.

Глава 3
Глоссарий ДНК-генеалогии

Вопрос 42: **Что такое ДНК и что такое Y-хромосома?**

ДНК , дезоксирибонуклеиновая кислота, сохраняет и реализует генетическую программу развития и функционирования организма человека. Находится в ядре клетки в составе 46 хромосом, одна из которых, самая маленькая по размеру – мужская половая хромосома, или Y-хромосома. В ней примерно 58 миллионов нуклеотидов, повторяющихся структурных единиц ДНК-аденина, гуанина, тимина и цитозина. Все 46 хромосом в совокупности состоят из трёх миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тысяч генов, в среднем по 652 гена на хромосому. В Y-хромосоме всего 27 генов, остальная часть – некодирующая, «никчёмная», как её часто называют, или, скорее, называли еще недавно. В ней находится много повторов нуклеотидных цепочек, часть которых генетики выбрали в качестве гаплотипов для ДНК-генеалогии. Копирование, или репликацию ДНК выполняет ДНК-зависимая ДНК-полимераза (в составе большого комплекса, реплисомы), которая иногда допускает ошибки, называемые мутациями.

Вопрос 43: **Что такое маркер в ДНК-генеалогии?**

МАРКЕР , или локус, сегмент, участок Y-хромосомы (в контексте данной книги), выбранный для определения числа повторов нуклеотидов для целей ДНК-генеалогии. Число повторов нуклеотидов в локусе называют «аллель». Маркеры нумеруют и присваивают им индексы, например, DYS19, то есть «DNA Y Segment, локус номер 19». В этом конкретном локусе повторяется четвёрка (квадруплет) ТАГА, то есть тимин-аденин-гуанин-аденин, причём повторяется у разных людей от 11 до 19 раз подряд. Эти границы чисто эмпирические. Возможно, у кого-то среди людей Земли он повторился 10 или 20 раз подряд, но вероятность такого события крайне мала. Число повторов – индивидуальная характеристика человека, и при увеличении числа маркеров совокупность аллелей становится всё более индивидуальной. В ранних академических исследованиях типировали (то есть определяли последовательности) от 5 до 9 маркеров, в современных – от 10 до 17, реже до 23 маркеров, в коммерческих работах обычно типируют от 12 до 111 маркеров, и выше – в специальных геномных исследованиях (стандартные варианты – 12, 17, 25, 37, 67 и 111 маркеров). Ниже приведен пример гаплотипа автора данной книги, в котором

типировали 431 маркеров:

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16
16 11 11 19 23 15 16 17 21 36 41 12 11 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22
22 15 10 12 12 13 8 15 23 21 12 13 11 13 11 11 12 13 31 15 9 15 12 25
27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 12 30 12 14 25 13 9 10 18 15 20 12
24 15 12 15 24 12 23 19 11 15 17 9 11 11 10 12 15 15 10 10 8 8 9 13 7 8
10 10 13 14 14 15 31 32 11 10 9 9 8 24 8 8 8 16 22 22 24 21 23 14 16
25 28 15 15 6 11 14 15 8 14 11 12 10 11 10 10 11 11 18 10 12 10 7 10 5
8 9 5 5 11 15 8 29 6 7 10 13 11 6 7 7 7 16 10 11 16 22 23 11 12 12 10 7
12 12 13 7 3 20 18 11 11 8 9 13 13 10 11 22 12 16 13 14 11 11 12 10 12
9 13 9 12 11 12 16 7 14 12 10 9 10 4 7 7 13 13 12 11 9 11 10 11 14 8 4 8
6 11 11 16 9 11 13 19 12 12 9 10 9 9 11 11 9 9 14 14 15 9 7 10 12 14 13
14 14 12 6 32 10 11 16 8 7 17 17 11 11 6 13 12 13 11 10 7 13 12 7 12 12
7 14 17 17 11 25 8 8 12 8 8 1113 11 12 10 8 13 8 13 14 10 11 9 20 17 15
36 9 13 14 39 33 36 9 10 10 12 18 19 13 9 14 44 10 8 14 9 8 20 11 11
11 11 10 9 9 9 8 8 8 8 9 11 9 23 11 9 16 31 8 20 8 13 12 8 16 10 9 33
27 23 22 10 8 12 10 8 14 8 8 32 55 7 7 5 9 6 11 11 11 13 9 39 33 7 8
27 7 5 13 7 15 28 25 60 42 12 31 22 20 12 3 4

Таких гаплотипов в мире определено пока всего несколько десятков, так что практическая польза от них пока невелика, за исключением нескольких специальных случаев, которые будут пояснены ниже.

Вопрос 44: **Что такое аллель в ДНК-генеалогии?**

АЛЛЕЛЬ, число тандемных повторов определенных блоков нуклеотидов в маркерах. Обычно в биологии понятие аллели относят к разным формам генов, расположенных в одинаковых маркерах хромосом одного типа, то есть гомологичных хромосом, и которые (аллели) при кодировании приводят к появлению различных вариантов одного и того же признака. В ДНК-генеалогии аллели задают разное число тандемных повторов в одном и том же маркере. Выше был приведен пример, когда в маркере DYS19 число повторов квадруплета ТАГА (TAGA) может быть от 11 до 19 раз. Числа аллелей в маркерах – важнейшая характеристика в ДНК-генеалогии, поскольку статистическое отклонение числа аллелей от предкового в каждом маркере гаплотипа позволяет рассчитывать, когда жили общие предки популяций, и эти расчеты работают на временах от сотен лет до нескольких миллионов лет.

Вопрос 45: **Что такое гаплотип в ДНК-генеалогии?**

ГАПЛОТИП – это совокупность аллелей, то есть наборов повторов в маркерах. Гаплотип записывается в виде набора чисел, которые отражают число аллелей в каждом маркере. Например, предковый гаплотип славян гаплогруппы R1a Русской равнины: в 12-маркерном формате (формате FTDNA)

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30

в 25-маркерном формате

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16

(здесь поставлено тире между первой и второй панелью маркеров, точнее – аллелей, потому что в длинных последовательностях чисел легко потеряться, а тире представляют

собой метки, на которые можно ориентироваться),

в 37-маркерном формате

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11

в 67-маркерном формате

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

в 111-маркерном формате

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 12 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13–32 15
9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10
19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Вопрос 46: **Что такое «стандартная запись гаплотипов в формате FTDNA»?**

ФОРМАТ FTDNA – форма записи гаплотипов, принятая компанией Family Tree DNA (США), основной компанией в мире по тестированию ДНК, и далее принятая в ДНК-генеалогии. В статьях по популяционной генетике такая запись практически не используется, и по простой причине – протяженные гаплотипы там не используются. Порядок записи гаплотипов в попгенетике другой, и часто нестандартный, меняющийся у разных авторов. Но поскольку гаплотипы в попгенетике используются редко, то им такой разнобой не мешает.

Порядок маркеров в 12-, 25-, 37-, 67– и 111-маркерных гаплотипах следующий (в верхней строке – порядковый номер маркера, в нижней – индекс маркера DYS):

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389-1

11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
392	389-2	458	459a	459b	455	454	447	437	448

21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
449	464a	464b	464c	464d	460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	456

31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
607	576	570	CDYa	CDYb	442	438	531	578	395S1a

41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
395S1b	590	537	641	472	406S1	511	425	413a	413b

51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
557	594	436	490	534	450	444	481	520	446

61	62	63	64	65	66	67	68	69	70
617	568	487	572	640	492	565	710	485	632

71	72	73	74	75	76	77	78	79	80
495	540	714	716	717	505	556	549	589	522

81	82	83	84	85	86	87	88	89	90
494	533	636	575	638	462	452	445	GATA-A10	463

91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
441	GGAAT-1B07	525	712	593	650	532	715	504	513

101	102	103	104	105	106	107	108	1099	110
561	552	726	635	587	643	497	510	434	461

111
435

Вопрос 47: **Что такое дерево гаплотипов, и какую программу для их построений можно использовать?**

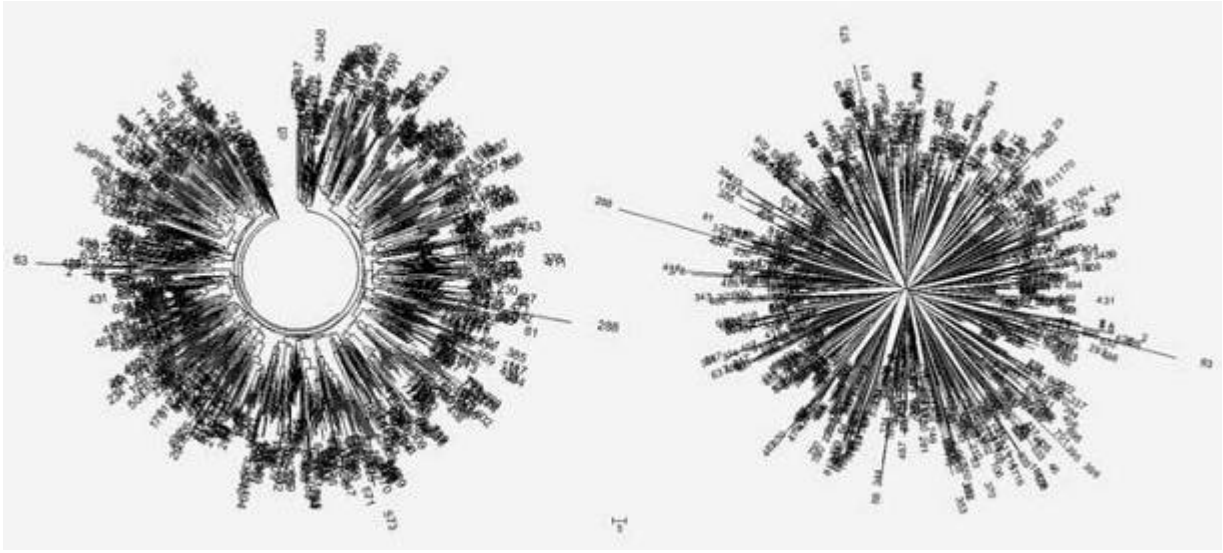
ДЕРЕВО ГАПЛОТИПОВ , серия гаплотипов, рассортированная с помощью специальной компьютерной программы и представленная в виде круговой, спиральной или линейной диаграммы (см. ниже). Эта диаграмма группирует гаплотипы по динамике их мутаций во всех маркерах, и таким образом представляет дерево в виде совокупности ветвей гаплотипов, соответствующих их наиболее вероятным ДНК-генеалогическим линиям. Например, среди гаплотипов гаплогруппы R1a встречаются гаплотипы с «типовой» мутацией, в которой маркер DYS388=12 заменён на DYS388=10. Это отдельная (и древняя) ДНК-генеалогическая линия, потому что и многие остальные мутации более присущи этой линии «10», по сравнению с мутациями для линии «12». Действительно, на дереве гаплотипов линия «10» выделяется в отдельную ветвь, которую следует анализировать отдельно. В настоящей книге деревья гаплотипов строились с помощью программы PHYLIP[53].

В качестве примера приведем дерево гаплотипов гаплогруппы I1 из 800 гаплотипов в 111-маркерном формате в нескольких видах графического представления (последние три дерева – фрагмент) (рис. 8.).

[53] Felsenstein, J. (2004). PHYLIP (Phylogeny Inference Package). Version 3.6. Seattle: Department of Genome Sciences, University of Washington.

Вопрос 48: **Что такое гаплогруппа в ДНК-генеалогии?**

ГАПЛОГРУППА , совокупность гаплотипов, объединённая «групповой» необратимой мутацией, присущей определённому человеческому роду, то есть потомкам одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Эквивалентна понятию «род» в ДНК-генеалогии. Эти мутации («снипы») выбирают по определённым критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала шесть тысяч лет назад на восток», понимая, естественно, что мигрировали носители данной гаплогруппы. В настоящее время классификация включает 20 основных гаплогрупп (плюс A0 и A00), от A до T в алфавитном порядке, и тысячи «нисходящих» гаплогрупп и субкладов. Индекс гаплогруппы с надстрочным * (например, I*) показывает, что «нисходящих» мутаций у их носителей в классификации пока не обнаружено. Все тестированные носители – прямые потомки данной гаплогруппы или субклада.



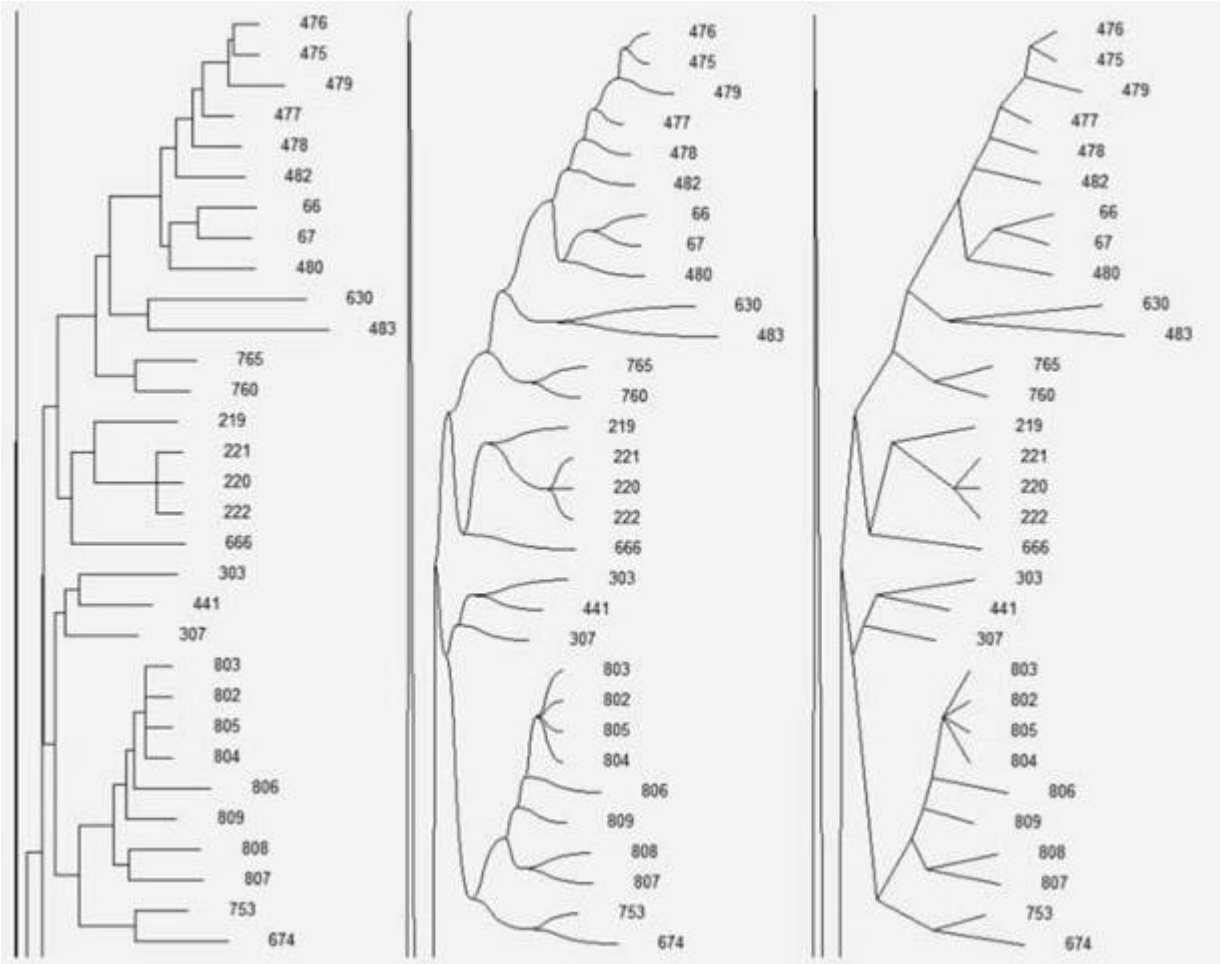


Рис. 8. Дерево гаплотипов гаплогруппы I1 из 800 гаплотипов в 111-маркерном формате в нескольких видах графического представления (последние три дерева – фрагмент)

Вопрос 49: **Что такое «бинарная гаплогруппа»?**

БИНАРНАЯ ГАПЛОГРУППА , устаревшее название гаплогруппы, приводится здесь, потому, что всё ещё иногда встречается в публикациях. То же, что и «биаллельная гаплогруппа», потому что у мутации, её определяющей (снип, SNP, см. ниже) есть всего два состояния – либо мутация есть, либо её нет. То есть в соответствующем участке ДНК есть две аллели – исходная и мутированная. В отличие от них, тандемные мутации, или тандемные повторы (см. выше) являются, как правило, множественными и имеются в популяции в виде различных аллелей, то есть «полиаллельными».

Вопрос 50: **Что такое субклад в ДНК-генеалогии?**

СУБКЛАД , подчинённая, «нижестоящая» гаплогруппа, ДНК-генеалогическая ветвь в пределах той же гаплогруппы, все члены которой имеют не только мутацию основной гаплогруппы, но и дополнительную мутацию, общую только для данной ветви/ субклада. Например, гаплогруппа R имеет «подчинённые», или «дочерние» гаплогруппы R1 и R2; R1, в свою очередь, имеет R1a и R1b и так далее. R1a в настоящее время имеет 66 субкладов, утвержденных Международным обществом генетической генеалогии, R1b в настоящее время имеет 443 «официальных» субкладов.

Вопрос 51: **Что такое мутация в ДНК-генеалогии?**

МУТАЦИЯ , в ДНК-генеалогии биологическая ошибка при копировании последовательности Y-хромосомной ДНК, в результате которой (ошибки) или меняется число аллелей в определённом локусе (STR мутации, от Short Tandem Repeats), или

происходит модификация гаплогруппы (SNP мутации, от Single Nucleotide Polymorphism). В отличие от мутации в генах, вызванной, например, радиоактивным излучениям, и при которой нуклеотид «ломается», то есть мутация там деструктивная, мутация в гаплотипах происходит обычно путем ошибочного копирования достаточно длинных фрагментов ДНК, при котором (копировании) происходит или удлинение, или укорачивание копируемого фрагмента ДНК. Это – не деструкция, а модификация. Но поскольку происходит отклонение от исходной «матрицы», то есть происходит ошибка копирования, то это тоже называют мутацией.

Вопрос 52: **Что такое тандемная мутация в ДНК-генеалогии?**

ТАНДЕМНАЯ МУТАЦИЯ в гаплотипе – это изменение числа аллелей в маркере. Происходит в среднем в маркере примерно раз в 500 поколений, хотя для каждого маркера своя скорость мутаций, которая для первых 37 маркеров варьируется от одного раза в 11100 поколений (DYS426, раз примерно в 280 тысяч лет) до одного раза в 140 поколений (CDYb, раз примерно в 3500 лет). Среди 67 маркеров есть такие, в которых мутация происходит раз в 125 тысяч поколений, то есть раз в 3.1 миллионов лет. По скоростям мутаций это сопоставимо со снипами. В популяции обычно наблюдается множественность аллелей в одних и тех же маркерах, то есть вариации аллелей. Совокупность этих вариаций позволяет рассчитывать время, когда жил один или несколько наиболее отдаленных предков популяции. Разные маркеры имеют разные скорости мутации в маркере, поэтому диапазоны вариации аллелей в разных маркерах разные.

Например, DYS426 – очень «медленный» маркер, всё человечество имеет всего четыре варианта аллелей – 10, 11, 12 и 13. Действительно, этот маркер имеет малую скорость мутации, она по оценкам равна 0.00009 мутаций на маркер на условное поколение. Это значит, что через пять тысяч лет среди тысячи наших современников всего у пятнадцати произойдет мутация в этом маркере – за 5 тысяч лет! Это несложно проверить, используя логарифмическую формулу, описанную выше: [ln(1000/985)]/0.00009 = 168 → 202 условных поколения, то есть 5050 лет.

Напротив, наиболее часты мутации в маркерах DYS449, CDYa, CDYb, у которых на Земле обнаружено 12, 13 и 13 разных аллелей, а именно от 25 до 36, от 28 до 40, и от 31 до 43, соответственно.

Вопрос 53: **Поясните понятие «среднее число мутаций на маркер»**

Это – важнейшая величина в ДНК-генеалогии, она напрямую связана с гаплотипом прямого предка, от значения аллелей которого и отсчитываются мутации. В серии гаплотипов современников, потомков одного общего предка (то есть принадлежащих одной ДНК-генеалогической линии) насчитывается определённое суммарное количество мутаций. Чем больше прошло времени от общего предка серии гаплотипов (популяции), тем больше суммарное количество мутаций в рассматриваемой серии гаплотипов. Таким образом, отношение этого суммарного количества мутаций во всех маркерах (от всех аллелей) к общему числу маркеров есть мера того, как давно жил общий предок. Это есть базовое положение ДНК-генеалогии. Это отношение можно откалибровать в поколениях или годах по абсолютной шкале времени при наличии хронологических «реперных точек».

Поскольку число маркерах в гаплотипах достигает – для обычно используемых гаплотипов в ДНК-генеалогии – 111, то в каждом маркере за определенное число лет от общего предка накапливается определенное среднее количество мутаций. Например, в серии из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 за 3690±370 лет, прошедшие от общего предка современных носителей гаплогруппы, в маркере DYS19 накопилось 263 мутации. При известной константе скорости мутации для маркера DYS19, полученной независимым путем и усредненной по всем выборкам и по всем гаплогруппам, и равной 0.00179 мутаций на маркер за условное поколение, получаем, что общий предок жил примерно 263/968/0.00179 = 152 условных поколений назад, или примерно 152x25 = 3800 лет назад. Как видим, это в

пределах погрешности измерений, поскольку величина 3690±370 лет, показанная выше, была рассчитана по всем 968 гаплотипам в 111-маркерном формате. Мы постоянно пишем «примерно», потому все такие расчеты носят статистический характер. Даже 263 мутации, полученные прямым путем, все равно «примерные», и по законам статистики имеют погрешность ±6.2 %, что дает 263±16 мутаций, и это при щадящей достоверности в одну «сигма», то есть с надежностью 68 %. При надежности в 95 % это было бы 263±32 мутации. Далее, при расчетах по всем гаплотипам поправка на возвратные мутации вводилась, а при расчетах по одному маркеру она для простоты не вводилась. Наконец, величина константы скорости мутации (0.00179 мутаций на маркер за условное поколение) тоже определена с определенной погрешностью. Все это заставляет для корректности писать «примерно».

Еще пример, для особенно древнего общего предка, на этот раз гаплогруппы I2, который жил 9575±960 лет назад. В маркере DYS426 в серии из 244 гаплотипов накопилось всего 8 мутаций, поскольку это один из самых «медленных» маркеров, его константа скорости мутации равна 0.00009 мутаций на маркер за условное поколение. Получаем, что общий предок жил примерно 8/244/0.00009 = 364 условных поколений назад, или примерно 364x25 = 9100 лет назад. Это опять в пределах погрешности измерений, поскольку величина 9575±960 лет, показанная выше, была рассчитана по всем 244 гаплотипам в 111-маркерном формате.

Надо добавить, что величины констант скоростей мутаций определяли при изучении многих тысяч гаплотипов. В первой обширной статье по этой теме[54], опубликованной в 2011 году, и подводящей итоги четырехлетних исследований, рассматривали 3160 гаплотипов, из них 2488 гаплотипов в 67-маркерном формате, а в недавней статье[55] рассматривалисьь уже 11850 гаплотипов в 111-маркерном формате.

Вопрос 54: **Как рассчитывают погрешности в ДНК-генеалогии?**

ОБЩАЯ ОТНОСИТЕЛЬНАЯ ПОГРЕШНОСТЬ , важная величина, указывающая на доверительный интервал, или надежность определения расстояния до времени жизни общего предка рассматриваемой популяции. По правилам математической статистики, расчет погрешности обычно производится для «одной сигма» или «двух сигма», что соответствует 68 % и 95 % доверительному интервалу, соответственно. Для одной сигма берется обратная величина квадратного корня из общего числа мутаций в серии гаплотипов, возводится в квадрат, к ней прибавляется 0.01 (это квадрат средней погрешности величины константы скорости мутации, при принимаемой ее погрешности ±10 %, то есть 0.1), и из полученной суммы извлекается квадратный корень.

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

$$1/\sqrt{100} = 0.1$$

$$0.1^2 = 0.01$$

$$0.01 + 0.01 = 0.02$$

$$\sqrt{0.02} = 0.1414$$

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

---

54 Rozhanskii, I.L., and Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y Chromosome). Advances in Anthropology, 1, No.2, 26–34.

55 Клёсов, А.А. и Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т.8, № 3, стр. 321-375

Для доверительного интервала 95 % (два сигма) полученная величина удваивается, то есть погрешность расчетов составляет ±28 %. Но опыт показывает, что для расчетов реальных, документированных генеалогий, задавание доверительного интервала в одну сигма является реалистичным. Дело в том, что требование 95 %-ной точности нереально для ограниченных серий гаплотипов. Более того, после рассмотрения многих сотен экспериментальных серий гаплотипов выяснилось, что закладываемая погрешность для констант скоростей мутаций ±10 % является завышенной, на практике она не превышает ±2.5 %. Поэтому при 100 мутациях в серии гаплотипов погрешность при одной сигме составляет не ±14.14 %, а ±10.31 %.

Тем не менее, мы рекомендуем (и делаем это сами) давать результаты расчетов при завышенной погрешности, как описано выше. Лучше так, чем быть обвиненными в завышении «точности расчетов».

Погрешности рассчитываются по тем же правилам для количества мутаций и для скоростей мутаций в отдельных маркерах, и в гаплотипах, содержащих любое количество маркеров. Например, в маркере DYS391 для серии из 275 гаплотипов гаплогруппы N1c1 наблюдается 59 мутаций. По правилам статистики при одной сигма эти 59 мутаций на самом деле соответствуют 59±8 мутаций, так что неопределенность, или погрешность начинаются уже здесь. Погрешность получена как обратная величина квадратного корня, переведенная в величину 13.02 %. Если переводить это число мутаций в среднее число мутаций на маркер, получаем 59/275 = 0.2145, но погрешности целесообразно записывать уже в конце расчетов, чтобы не усложнять вычисления. С учетом поправки на возвратные мутации (пояснено ниже) получаем, что среднее число мутаций на маркер равно 0.2402, и поскольку значение константы скорости мутации для маркера DYS391 равно 0.0022, получаем, что «возраст» для маркера DYS391 для данной серии гаплотипов равен 0.2402/0.0022 = 96 условных поколений, или 2400 лет. Погрешность здесь уже больше, чем рассчитанные выше ±13.02 %, потому что к ней добавляется погрешность определения константы скорости мутации, которая в данном случае не менее ±30 %. В итоге обратную величину квадратного корня из 59 возводим в квадрат (получая 0.01695), прибавляем 0.09 (квадрат погрешности в определении константы скорости мутации), извлекаем квадратный корень из полученной суммы, и находим, что погрешность (которое еще называют средним квадратичным отклонением) равна в данном случае ±32.7 %. Мы видим, что при введение в расчеты константы скорости мутации погрешность более чем удвоилась. Получаем, что маркер DYS391 в данной серии указывает на «возраст» выборки 2400±800 лет.

Но когда расчет ведется по всем маркерам сразу, а не его индивидуальным величинам, то число аллелей и мутаций в них идет на тысячи, и погрешность получаемого «возраста» резко снижается, но никогда не становится меньше, чем погрешность определения константы скорости мутации. Последняя обычно принимается за ±10 %, хотя определенно меньше этой величины, как пояснено выше.

Вопрос 55: **Что такое «снип» в ДНК-генеалогии?**

СНИП , «гаплогруппо-образующая мутация», от английского сокращения SNP (Single Nucleotide Polymorphism), практически необратима, происходит, как правило, на одном нуклеотиде, превращая один нуклеотид в другой, несвойственный для данной последовательности ДНК. Это приводит к появлению своеобразной «метки», которая практически навсегда наследуется потомками. Именно поэтому каждый род (в понятиях ДНК-генеалогии) носит характерную метку и может быть надёжно и количественно отличим один от другого. Снипы обозначают индексами, например, Z280 (это – «входная» мутация для ДНК большинства этнических русских гаплогруппы R1a), M343 («входная» мутация в гаплогруппу R1b), L21, что эквивалентно снипу S145 (мутация, определяющая один из наиболее распространных субкладов в центральной и западной Европе), и так далее. Первая буква снипа показывает, в каком научном коллективе снип идентифицирован. Наиболее используемые индексы следующие:

• **M** , лаборатория под руководством Peter Underhill, Stanford University (США);

• **P** , лаборатория, руководимая Michael Hammer, University of Arizona (США);

• **S** , лаборатория, руководимая James F. Wilson, Edinburgh University (Шотландия);

• **L** , исследовательский центр под названием Family Tree DNA's Genomics Research Center (США).

• **U** , университет центральной Флориды (Lynn M. Sims и Jack Ballantyne) и университет Gonzaga (Dennis Garvey);

• **V** , университет La Sapienza, Rosaria Scozzari and Fulvio Cruciani (Рим, Италия);

• **CTS** , лаборатория Chris Tyler-Smith, The Wellcome Trust Sanger Institute, Hinxton (Англия)

• **Page** , David C. Page, Whitehead Institute for Biomedical Research

• **Z и DF** , международная группа независимых исследователей, работающих с геномными базами данных

• **A** , Thomas Krahn, YSEQ.net, Houston, Texas (США)

• **FGC,** Full Genomes Corp. of Virginia and Maryland (США)

• **Y** и **YP** , группа независимых исследователей Y Full Team, работающих с геномными данными

• **BY** , группа Big Y, компания Family Tree DNA, Houston, Texas (США)

• **F** , лаборатория Li Jin, Fudan University, Shanghai (Китай)

• **KMS** , группа российских и международных исследователей

• **N** , лаборатория биоинформатики, Institute of Biophysics, Chinese Academy of Sciences, Beijing (Китай)

• **PK** , Biomedical and Genetic Engineering Laboratories, Islamabad (Пакистан).

Вопрос 56: **Как измеряют скорости мутаций в ДНК-генеалогии?**

СКОРОСТЬ МУТАЦИИ , средняя частота изменения числа повторов в маркере, обычно измеряется в числе мутаций на условное поколение в 25 лет. Средняя скорость мутаций составляет 0.00167 и 0.00183 на маркер на условное поколение для первых 12-ти и 25-ти маркеров в стандартном формате гаплотипов (см. выше), соответственно. Для первых 37-и маркеров средняя скорость мутаций составляет 0.00243 на маркер на поколение, для первых 67, 111 и 409 маркеров (см. ниже) – 0.00178-0.00179 мутаций на маркер на поколение. В неопределённых ситуациях для полуколичественной оценки часто принимается в виде «канонической» величины 0.002 мутаций на маркер на условное поколение.

В реальных условиях скорости мутаций иногда измеряют по мутациям в гаплотипах в одном поколении на большом числе пар отец-сын. Однако полученные данные не могут быть использованы для практических расчетов, так как даже при столь большом количестве, как 1700 пар отец-сын почти в половине изученных маркеров мутаций или не наблюдалось (и таких маркеров было большинство), или наблюдались всего одна-две мутации, что явно не дает приемлемой статистики.

Еще пример – при сравнительном изучении 1752 пар гаплотипов в 17-маркерном формате было выявлено 84 мутации. Из них 83 были одношаговые (98,8 %) и одна – двухшаговая (1,2 % от всех). Поскольку все 1752 гаплотипа содержали 1752 x 17 = 29784 маркера, то средняя скорость мутаций соответствовала 84/29784 = 0.00282 мутации на маркер на поколение, медиана была равна 0.0025 мутации на маркер на поколение. Из этих 84 мутаций 43 мутации были «вверх» (число повторов в аллели возросло) и 41 – «вниз». Самая высокая скорость мутаций была в маркере DYS458 (0.0074 мутаций за поколение), самая низкая – в маркере DYS448 (0.0003 мутаций за поколение, то есть примерно в 25 раз медленнее). Когда все отцы были подразделены на две (неравные) группы – те, у кого произошла мутация в гаплотипах, и те, у кого мутаций не было, то средний возраст первых и вторых составил – при рождении сына – 34.4±11.6 лет (округленно 34±12) и 30.3±10.2 лет (округлённо 30±10). Хотя разница в возрасте и имела место, эти величины находятся в пределах погрешности эксперимента. Объединение всех опубликованных данных подобных

экспериментов выявило 331 мутацию на 135212 маркерах, то есть средняя скорость оказалась равна 0.00244 мутации на маркер за поколение. При сопоставлении скоростей мутаций с генеалогическими данными и историческими событиями (при калибровке) средняя скорость мутаций в 17-маркерных гаплотипах составила 0.0020 мутаций на маркер на поколение.

Эти оценки в целом приемлемы для расчетов, но только полуколичественно. Дело в том, что 84 мутации для 1752 пар гаплотипов – это неважная статистика. Мало того, что 84 мутации – это на самом деле 84±9 мутаций с 68 %-ной доверительностью, и 84±18 мутаций с 95 %-ной доверительностью, но это только для 17-маркерных гаплотипов, то есть для более протяженных (да и для более коротких) гаплотипов эти константы неприменимы. Далее, при 84 мутациях на 1752 пар гаплотипах и при 17 маркерах даже при относительно высоких скоростях мутаций в отдельных маркерах на них приходилось всего несколько мутаций. Например, в маркере DYS458, в котором наблюдалось максимальное количество мутаций, их было всего 13, что дало константу скорости мутации 13/1752 = 0.0074 мутаций на маркер на поколение. В другой серии экспериментов по парам отец-сын получили величину константу скорости мутации 0.0084 мутаций на тот же маркер на поколение. В наших исследованиях по 11 тысячам гаплотипов мы получили величину 0.0062 мутаций на маркер на поколение[56]. Но с такими экспериментами, как в цитируемой статье, дело на самом деле хуже – например, сообщенную в статье величину константы скорости мутации 0.0003 для DYS448 получить вообще нельзя, так как даже при одной мутации на все 1752 пары отец-сын получится 1/1752 = 0.0006, то есть скорость вдвое выше. На самом деле ошибка получилась из-за статистически малого числа мутаций. По нашим данным, в маркере DYS448 константа скорости мутаций равна 0.0014 мутаций на маркер за поколение, то есть для 1752 пар отец-сын авторы эксперимента должны были получить 2.45 мутации, то есть 2.45/1752 = 0.0014. Но 2.45 мутаций получить невозможно, можно две или три, но авторы и этого не получили, что неудивительно. Если бросить монету два или три раза, никакой статистики не получится.

Вопрос 57: **Какова средняя скорость мутаций не на маркер, а на гаплотип?**

СРЕДНЯЯ СКОРОСТЬ МУТАЦИИ НА ГАПЛОТИП , для первых 6-ти маркеров в «научном формате», DYS19, 388, 390, 391, 393, 393 – 0.0074 мутаций на гаплотип на поколение, для первых 12-ти маркеров (первая панель маркеров в формате

FTDNA) – 0.020 мутации на гаплотип на поколение, для первых 25-ти маркеров – 0.046 мутаций на гаплотип на поколение, для первых 37-ти маркеров – 0.09 мутаций на гаплотип на поколение, для 67-ми маркеров – 0.12 мутаций на гаплотип на поколение, для 111 маркеров – 0.198 мутаций на гаплотип на поколение. Отсюда сразу можно заключить, что если два 67-маркерных гаплотипа отличаются, например, на 6 мутаций, то они разошлись от общего предка, который жил 6/2/0.12 = 25 поколений назад, или 625 лет назад. Однако для таких расчётов надо знать, что оба гаплотипа относятся к одной гаплогруппе и одному субкладу, и понимать, что для двух гаплотипов и столь немногих мутаций подобные расчёты могут быть только оценочными. Например, в данном конкретном случае оценка равна 625±260 лет с 68 %-ной надёжностью.

Вопрос 58: **Что такое «бутылочное горлышко популяции» и какова его значимость в ДНК-генеалогии?**

«БУТЫЛОЧНОЕ ГОРЛЫШКО» ПОПУЛЯЦИИ – это резкое или медленное сокращение популяции до критической численности, после чего популяция либо выживает (проходя «бутылочное горлышко»), либо терминируется. Причинами «бутылочного горлышка» могут быть события, катастрофические в отношении популяции (природные

---

56 Клёсов, *А.А.* и Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т.8, № 3, стр. 321-375

катаклизмы, эпидемии, войны), либо медленное вымирание популяции. Обычно выжившая популяция «обнуляет» набор своих мутаций в гаплотипах до гаплотипа выжившего члена популяции, давшего выжившее мужское потомство, и он становится «общим предком» для потомков. Исследования показывают, что многие популяции в прошлом имели пульсирующий характер и многие популяции терминировались, не проходили «бутылочное горлышко». Многие древние популяции остались во «фрагментах», в серии относительно недавних популяций, «кластеров», которые очень значительно отличаются друг от друга по гаплотипам, оставаясь внутри одной и той же гаплогруппы. Примеры – гаплотипы американских индейцев, африканские гаплотипы, гаплотипы Русской равнины, ряд европейских гаплотипов.

Для описания этих явлений в популяционной генетике используют понятие *«генетический дрейф».* Это понятие для ДНК-генеалогии непригодно, поскольку термин «генетический» здесь некорректен, в ДНК-генеалогии с генами не работают. Принятое в попгенетики понятие «эффект основателя» также не привилось в ДНК-генеалогии, и понятно, почему – оно не несет никакой информации, и является просто калькой с соответствующего англоязычного термина. «Бутылочное горлышко», впрочем, тоже калька, но оно понятно в смысловом отношении. Именно из-за соответствующих «бутылочных горлышек» у гаплогрупп E, G, I, J на 99 – 100 % преобладает аллель DYS426=11, а у гаплогрупп R на 99 % преобладает DYS426=12. Иначе говоря, сдвиг аллели у далёких предков от 11 к 12 в так и остался в потомках соответствующих гаплогрупп. Подобный (по сути) эффект привёл к тому, что в «быстром» маркере DYS449 в разных гаплогруппах осталось не более 30 % наиболее частой аллели (ср. с 99 % или 100 % в «медленных» маркерах), и она «плывёт» от величины DYS=28 (гаплогруппа I) к 29 (J2), 30 (R1b), 31 (E3a и G) и 32 (E3b и R1a).

Вопрос 59: **Что такое база данных IRAKAZ?**

Ответ на этот вопрос приведен на сайте Академии ДНК-генеалогии http://dna-academy.ru/irakaz/, и мы здесь его в значительной степени воспроизводим. Эта база представляет собой список практически всех доступных из открытых источников гаплотипов R1a в 67– и 111-маркерном формате по состоянию на дату выхода версии. Она оформлена в виде электронной таблицы в программе MS Excel, содержит информацию о стране происхождения и, если известно, этнической принадлежности самого раннего из документированных предков участника, отнесение к той или иной ветви гаплогруппы и список подтвержденных снипов (SNP). Персональная информация опущена, поскольку технически невозможно получить согласие на ее публикацию от каждого из участников. Однако для тех, кто предоставил в открытых проектах данные о своих предках и указал места их рождения, такую информацию можно найти на картах по линку выше.

База данных IRAKAZ ориентирована на использования гаплотипов в исследовательских целях, поэтому порядок записи гаплотипов следует определенной классификации. В базе данных предусмотрена также возможность поиска самых близких гаплотипов в 25-, 37-, 67– и 111-маркерном формате, как это описано на указанном сайте. Название IRAKAZ обозначает инициалы составителей базы: Igor Rozhanskii, Anatole Klyosov, Aleksander Zolotarev. Там же приведен список карт гаплогруппы R1a, составляющий часть базы данных IRAKAZ.

Глава 4
Расчетные методы ДНК-генеалогии. Константы скоростей мутаций в маркерах и в гаплотипах

Это – центральный вопрос ДНК-генеалогии, и мы уделим этому особое внимание. Вопросов в этом отношении задается много, что вызвано тремя основными причинами: (1) относительная сложность вопроса, (2) неупорядоченный, статистический характер мутаций,

при котором число мутаций при относительно малом числе маркеров и за относительно малый промежуток времени является нестабильным, и для неопытного человека представляется принципиально невоспроизводимым, и (3) крайняя запутанность популяционными генетиками этой темы на протяжении последних 20 лет.

Вопрос 60: **С какими скоростями происходят мутации в гаплотипах?**

Выше (в ответе на Вопрос 14) было показано, что в маркере DYS393 значение аллели 13 сохраняется во всех трех рассмотренных гаплотипах (русского и двух киргизов), отделенных друг от друга тысячелетиями, а в маркере DYS390 за то же время мутация произошла дважды, и все три аллели оказались разными – 24, 25 и 26. Три гаплотипа в данном случае не очень показательны, статистика не та, но в целом так и должно быть, потому что константа скорости мутации в маркере DYS393 равна 0.00059 мутаций на условное поколение (25 лет), а в маркере DYS390 – почти в четыре раза выше, 0.0022 мутаций на условное поколение.

Что эти числа реально означают?

Они означают, что в маркере DYS393 мутация происходит в среднем раз в 1/0.00059 = примерно 1700 условных поколений, то есть раз в 42 500 лет. В трех независимых маркерах DYS393 мутация в среднем проходит примерно раз в 14 тысяч лет. А общий предок всех трех гаплотипов в примере выше жил примерно 5 тысяч лет назад, поэтому мутация и не успела произойти, все три аллели равнялись 13, то есть показывали 13 тандемных повторов. В маркере DYS390 мутация происходит в среднем раз в 1/0.0022 = 455 условных поколений, то есть примерно раз в 11 тысяч лет, то есть для трех независимых маркеров мутация в среднем произойдет раз в 3800 лет (округлено). Вот она и произошла, и даже дважды за 5 тысяч лет. Естественно, здесь это только полуколичественные расчеты, потому что три маркера – это не статистика, но здесь показан принцип расчета. Если бы у нас было в наличии тысяча гаплотипов, расчеты были бы намного точнее. В таком случае в тысяче маркеров DYS393 за пять тысяч лет (200 условных поколений) было бы 1000x0.00059x200 = 118 мутаций, а в маркере DYS390 было бы 1000x0.0022x200 = 440 мутаций. С такой статистикой уже можно работать.

Давайте посмотрим, что наблюдается в более протяженных сериях гаплотипов. Взглянем на серию из 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21. Число аллелей в маркере DYS393:

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

Считая, что все мутации одношаговые, получаем 232 мутации на 3466 аллелей – от базового значения аллели, равного 13, то есть в среднем 0.067 мутаций на маркер DYS393. Как проводятся поправки на возвратные мутации в таких системах мы рассмотрим в следующем разделе. Такие поправки нужны, потому что часть мутированных маркеров не только продолжают мутировать, уходя все дальше от предковой аллели (например, 13 → 14 → 15, или 13 → 12 → 11), но по тем же законам статистики возвращаются в исходное положение (13 → 14 → 13, 13 → 12 → 13), и потому мы часть мутаций недосчитываем.

Для другого примера возьмем не «медленный» маркер, как DYS393, а «быстрый», например, DYS390, из той же серии в 3466 гаплотипов субклада R1b-L21. Число аллелей в маркере DYS390:

21 – 3
22 – 22
23 – 228

24 – 2364
25 – 815
26 – 33
27 – 1

Видно, что мутации уже более «размазанные» по аллелям. Считая, что все мутации одношаговые, получаем 1165 мутаций на 3466 аллелей, то есть в среднем 0.336 мутаций на маркер DYS390. Мы видим, что среднее число мутаций в маркере DYS390 для той же серии гаплотипов уже в пять раз выше. Если бы не сложности статистического характера, упомянутые выше, можно было бы полагать, что эта разница отражает количественную разницу в соответствующих константах скорости мутации для маркеров DYS393 и DYS390, но это не совсем так. Константы равны 0.00059 и 0.0022 мутаций на маркер на условное поколение, то есть различаются только в 3.7 раз. Под «сложностями статистического характера» здесь понимаются и введение поправок на возвратные мутации, и несимметричность распределения числа мутаций «вверх» и «вниз» (см. приведенные выше примеры), и наличие нижестоящих субкладов, гаплотипы которых могут (системно) по мутациям отличаться от гаплотипов вышестоящих субкладов, и многие факторы, которые надо учитывать при корректном анализе в ДНК-генеалогии. Примеры даны ниже.

Вопрос 61: **Что такое поправки на возвратные мутации, и как они рассчитываются?**

Как было пояснено выше, вклад возвратных мутаций вызывается тем, что часть мутаций вернулись в исходное положение предковой аллели (13 или 24 для случаев маркеров DYS393 и DYS390, рассмотренных выше), и таким образом мы наблюдаем некоторый недобор мутаций. Формулы для расчетов поправочных коэффициентов даны в работах[57], и в простейшем виде симметричной картины мутаций формула следующая:

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

где:

λobs = наблюдаемое среднее число мутаций на маркер в рассматриваемой серии гаплотипов,

λ = среднее число мутаций на маркер, с учетом поправки на возвратные мутации.

В примере с DYS393, рассмотренном выше, поправка будет минимальной, поскольку маркер «медленный», и мутаций наблюдается мало, как в «одну», так и в «другую» сторону от исходного положения аллели. Тем не менее, рассчитаем этот поправочный коэффициент, для иллюстрации. Поскольку наблюдаемое среднее число мутаций на маркер равно 0.067, поправочный коэффициент равен 1.0345, и полная запись расчета следующая:

[57] Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 2, № 1, стр. 93-103; Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть III. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 2, № 2, стр. 187–199; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105

$$\lambda = \frac{0.067}{2}(1+\exp(0.067)) = \frac{0.067}{2}(1+1.069) = 0.069$$

(1+1.069)/2 = 1.0345

Итак, мы наблюдаем 0.067 мутаций на маркер, а на самом деле их 0.069 мутаций на маркер, то есть всего на 3 % больше. Те мутации, что мы теряем, вернулись в исходное положение, и не учитываются при «линейных» подсчетах.

В примере с маркером DYS390, также рассмотренном выше, поправка будет значительной, поскольку маркер «быстрый», и мутаций наблюдается много, как «вверх», так и «вниз» от исходного положения аллели. Рассчитаем этот поправочный коэффициент. Поскольку наблюдаемое среднее число мутаций на маркер равно 0.336, получаем, что поправочный коэффициент равен 1.1997, и полная запись

$$\lambda = \frac{0.336}{2}(1+\exp(0.336)) = \frac{0.336}{2}(1+1.3994) = 0.4031$$

$$(1+1.3994)/2 = 1.1997$$

Итак, мы наблюдаем 0.336 мутаций на маркер, а на самом деле их 0.403 мутаций на маркер, то есть 20 % больше. Те мутации, что мы теряем, вернулись в исходное положение, и не учитываются при «линейных» подсчетах.

Вопрос 62: **Насколько точны (или неточны) расчеты в ДНК-генеалогии? – продолжение Вопроса 32.**

В сети довольно часто встречаются сомнения в отношении расчетов в ДНК-генеалогии, например, в таком виде (вопрос взят с международного форума DNA Rootsweb, перевод с английского):

✓ *Есть фундаментальная проблема с «научными» расчетами времен жизни общего предка, где расчеты, основаны на частотах встречаемости мутаций разных маркеров. Эти частоты – просто оценки, основанные на встречаемости мутаций в современных гаплотипах. Но когда я смотрю на гаплотипы людей, общий предок которых известен и жил 400–500 лет назад, и я не вижу в их гаплотипах никаких мутаций, то у меня возникают резонные сомнения о надежности расчетов, основанных на мутациях.*

Ну что здесь сказать? Когда человек не имеет понятия о том, о чем говорит, и «выходит на публику с сомнениями», когда рассуждают «по понятиям», где надо «по науке», то там может помочь только методичное просвещение. Например, следующее.

Если этот «критик» говорит о 6-маркерных гаплотипах, то там одна мутация образуется в среднем раз в 1/0.0074 = 135 условных поколений, то есть раз в 135x25 = 3375 лет. Если речь о 12-маркерных гаплотипах, то там одна мутация образуется в среднем раз в 1/0.02 = 50 условных поколений, то есть раз в 50x25 = 1250 лет. Если – о 37-маркерных гаплотипах, то там одна мутация образуется в среднем раз в 1/0.09 = 11 условных поколений, то есть раз в 11x25 = 275 лет. Но в среднем – это не обязательно точно раз в 275 лет, как часы. Это может быть мутация через 100 лет, и через 600 лет, и как угодно, но при большом числе гаплотипов это получается в **среднем** раз в 275 лет. Поэтому критик не понимает того, что просто «гаплотипов» в таких случаях писать нельзя, надо обязательно указывать, какой протяженности гаплотипы. Как мы видим, и в случае 37-маркерных гаплотипов вполне возможно, что за 400–500 лет в них не происходит мутации. Но если речь о 111-маркерных гаплотипах, в которых мутация происходит в среднем раз в 125 лет, то за промежуток времени 400–500 лет мутации должны наблюдаться. Хотя и при бросании монеты бывает,

что орел или решка выпадают подряд 4–5, и даже 6 раз. Хотя **в среднем** выпадают каждый второй раз.

Поэтому принцип должен быть такой, что при рассмотрении и обсуждении мутаций надо всегда исходить из вероятностного характера процесса.

Вообще при обсуждении вопроса в понятиях «точны» или «неточны», надо сначала определиться, «точны» для чего, для какой задачи, которая должна ставиться. Если задача ставится вычислить время рождения или смерти общего предка с точностью до года, то никакие статистические методы для этого в принципе не подходят, включая ДНК-генеалогию. Не подходят и задачи, в которых требуются проводить расчеты с точностью до десятилетий. ДНК-генеалогия решает задачи в первую очередь концептуальные, на уровне открытий, пересмотров старых концепций, и создания концепций новых. Никто же не требует в астрофизике расчета времени «большого взрыва» Вселенной с точностью до сотен лет, и тем более до года, там оценки идут на сотни миллионов и миллиарды лет, и не в сотне лет точности была важность новой концепции.

Например, когда 20 лет назад популяционными генетиками было сообщено, что носители гаплогруппы R1b жили в Европе 30 тысяч лет назад, во времена неандертальцев, то расчетов вообще никаких не делалось, это было предложено «по понятиям», подхвачено, и устоялось в науке. Потребовалось больших трудов убедить научную общественность, что R1b появились в Европе всего лишь около 5000 лет назад, как показали расчеты ДНК-генеалогии[58], и это имело концептуальную значимость. В той ситуации было неважно, это 5000±3000 лет назад, 5000±1000 лет назад, или 4800±400 лет назад (последняя величина была показана в расчетах). Таких примеров можно привести много, и каждый раз это был фактический прорыв в науке, прорыв разного масштаба.

Обычно расчеты общих предков выборок в ДНК-генеалогии проводятся с точностью 10–15 %, и причина этого довольно проста – мы постулируем, что величина константы скорости мутации определяется с точностью ±10 %, и тогда точность расчетов по определению не может быть лучше, чем ±10 %. На самом деле сотни и тысячи расчетов показали, что точность определения констант скоростей мутаций составляет примерно 2.5–3.0 %, но для расчетов мы оставляем те же 10 %. Лучше пусть доверительный интервал расчетов будет больше, чем претендовать, что наши расчеты точны, и время от времени подвергаться обвинениям, что другие данные показывают несколько отличающуюся величину. Не все знают, что расчеты погрешностей дело весьма условное, и зависит от закладываемых параметров доверительности. Если мы хотим результаты с доверительностью 95 %, или 99 %, то погрешности при тех же исходных величинах будут уже другими. В ДНК-генеалогии неразумно считать с требуемой доверительностью 95 % или 99 %, потому что тогда мы выходим уже не на концептуальность, а на точность, которой в обычно используемых сериях гаплотипах нет и быть не может. Даже если выборки будут состоять из десятков и сотен тысяч протяженных гаплотипов, в них непременно окажутся «примесные» гаплотипы, из других субкладов, из несимметричных ДНК-линий, да и просто ошибки типирования, которые неизбежны в больших сериях.

Поэтому реальность показывает, что погрешности расчетов ±10 %-15 % это то, из чего надо исходить и соответственно формулировать требования и задачи исследования.

В качестве примеров осложняющих факторов рассмотрим приведенные выше распределения мутаций в маркерах DYS393 и DYS390 в серии из 3466 гаплотипов субклада R1b-L21. Как мы видели, в обоих случаях мутации дают несимметричную картину. В DYS393 – в одну сторону, на понижение аллелей, произошло 85 одношаговых мутаций, в другую, на повышение, произошло 147 мутаций. На самом деле это не мутации несимметричные, а несимметричное распределение потомков по мутациям. Например, среди

---

[58] Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

тех 3466 человек рассматриваемой серии оказалось больше потомков с DYS393 = 14, чем с DYS393 = 12. Причин к такому несимметричному распределению мутаций много. Например, среди всей серии из 3466 гаплотипов могло оказаться непропорционально много потомков того, у кого много веков назад произошла мутация DYS393 = 13 → 14. Далее, в число этих 3466 человек могли попасть обладатели подчиненных (или вообще других) субкладов, с преобладанием базовой аллели, DYS393 = 14. Если в данную серию попали носители других субкладов с другой базовой аллелью, то такая несимметричность несколько искажает результаты расчетов, как мы покажем ниже на нескольких характерных примерах, и потому результаты расчетов времени до общего предка всегда должны даваться с определенной погрешностью, которая перекрывает искажения. Если это «свои» потомки, то результаты расчетов обычно не искажаются. Этот вопрос пока недостаточно проработан в ДНК-генеалогии с теоретической точки зрения.

В маркере DYS390 в той же серии гаплотипов **субклада R1b-L21** мутации тоже дают несимметричную картину. В одну сторону, на понижение аллели на одну единицу, произошло 228 мутаций, в другую, на повышение, произошло 815 мутаций, и в целом на понижение аллелей произошло 281 одношаговый мутаций и на повышение – 884 одношаговых мутаций. Причины несимметричности могут быть те же, что описаны выше. Надо отметить, что в этих двух примерах случайно получилось, что на повышение прошло больше мутаций, чем на понижение, но есть множество обратных примеров, например для того же маркера DYS393 в серии из 269 гаплотипов гаплогруппы N1c1 на понижение произошло больше мутаций (но по сути мутации были почти симметричными). Число аллелей в маркере DYS393:

13 – 12 (то есть аллель 13 встречается в 269 гаплотипах 12 раз)
14 – 248
15 – 8
16 – 1

Всего среди 269 маркеров DYS393 в данной серии суммарно произошло 22 одношаговых мутаций (12 «вниз» и 10 «вверх»), и зная, что константа скорости мутации в маркере DYS393 равна 0.00059 (это было определено по множеству серий гаплотипов разных гаплогрупп), мы можем примерно расчитать, когда жил общий предок рассмотренной серии гаплотипов группы N101 (строго говоря, серии маркеров DYS393):

22/269 = 139 условных поколений назад, то есть примерно 139x25 = 3475±740 лет назад (при стандартном расчете погрешности). Действительно, расчеты по гаплотипам разной протяженности дали время жизни общего предка данной выборки из 269 гаплотипов 3233±326 лет назад (111-маркерные гаплотипы), 3287±333 лет назад (67-маркерные гаплотипы), 346±353 лет назад (37-маркерные гаплотипы), 4127±424 лет назад (25-маркерные гаплотипы). Здесь мы расчеты умышленно не округляем, чтобы не вносить произвол при сопоставлении серии результатов. Мы видим, что расчеты даже по одному маркеру дали вполне приемлемую величину времени до общего предка данной серии гаплотипов. Возможно, это потому, что серия мутаций в данном маркере вполне симметричная.

Если мы посмотрим на DYS390 с его средней величиной числа мутаций на маркер в серии из 3466 гаплотипов субклада R1b-L21, равной 0.4031 (после введения поправки на возвратные мутации), то получим 0.4031/0.0022 = 183 условных поколений, или примерно 4580 лет со времени жизни общего предка субклада R1b-L21. Заметим, что по данным компании YFull (http://www.yfull.com/tree/R1b/) субклад L21 образовался 4500±300 лет назад. Правда, расчет по всем 111 маркерам для 3466 гаплотипов субклада L21 показал, что общий предок современных носителей этого субклада жил 3810±381 лет назад. Это приходится на границу диапазона погрешности расчетов, но в принципе результаты расчетов в их совокупности и в совокупности с данными других независимых расчетов показывают, что

общий предок современных носителей субклада R1b-L21 жил действительно на несколько сотен лет позже времени образования самого субклада; потомство от более ранних предков не выжило.

Пример того, что во многих случаях несимметричность в распределении мутаций в маркерах выражается в том, что на повышение проходит меньше мутаций, чем на понижение (то есть обратно тому, что наблюдается в маркере DYS390 в серии гаплотипов субклада R1b-L21), является серия из 4769 гаплотипов гаплогруппы R1a. Там число аллелей в маркере DYS390 выглядит следующим образом:

22 – 5
23 – 66
24 – 755
25 – 3544
26 – 383
27 – 16

Считая, что все мутации одношаговые, находим, что в 4769 маркерах DYS390 прошло 1317 мутаций, получаем, что среднее число мутаций на маркер равно 0.276. Это число не является корректным, потому что мы знаем, что среди тех 4769 гаплотипов было множество, относящихся к разным субкладам, каждый из которых имеет разную историю и своих общих предков. Поэтому любые расчеты с этими числами будут являться «поверхностными», очень приблизительными. Задача ДНК-генеалогии – проводить «рассечения» серий гаплотипов на ветви, семейства, группы, и при соответствующей поставленной задаче проводить их отдельные и независимые рассмотрения.

Подобные расчеты по всем 111 маркерам (или тому числу маркеров, которое было выбрано для рассматриваемых гаплотипов) после усреднения дает «возраст» общего предка рассматриваемой выборки гаплотипов, при условии, что общий предок был один, согласно соответствующим критериям ДНК-генеалогии.

Не нужно думать, что все 111 маркеров дадут одну и ту же величину «возраста» до общего предка, например, как 4580 лет в случае маркера DYS390 в серии гаплотипов субклада R1b-L21. Как раз в данном конкретном случае датировка маркера оказалась несколько завышенной из-за несимметричности распределения мутаций. Но по одному маркеру никогда возраст до общего предка не считают. В данном случае для 3466 гаплотипов в 111 маркерном формате для статистических расчетов суммарно имеются 384728 аллелей, причем расчет с применением калькулятора Килина-Клёсова (см. ниже) ведется и по каждому из маркеров, «по вертикали», и по всем мутациям по всем гаплотипам, «по горизонтали», как по «квадратичному» методу, в котором поправки на возвратные мутации уже учтены, так и «линейным методом», с введением поправок на возвратные мутации, а также и по разным длинам гаплотипов. В итоге калькулятор выдает результат по каждому варианту расчета, так что можно сравнивать и смотреть, нет ли систематических отклонений. В данном случае, по 3466 гаплотипам, получилось (лет до общего предка субклада R1b-L21):

3810±381 по 111-маркерным гаплотипам, линейный метод
4197±274 по 111-маркерным гаплотипам, квадратичный метод
3841±384 по 67-маркерным гаплотипам, линейный метод
3576±358 по 37-маркерным гаплотипам, линейный метод
3571±358 по 25-маркерным гаплотипам, линейный метод
3679±369 по 17-маркерным гаплотипам, линейный метод
3499±352 по 12-маркерным гаплотипам, линейный метод
4161±421 по 6-маркерным гаплотипам, линейный метод

Как видим, расчеты дали вполне удовлетворительное совпадение в пределах погрешности измерений, даже для коротких 12– и 6-маркерных гаплотипов.

Человек сторонний, не очень знакомый со статистикой, скажет – как же так, расчеты по одному маркеру, DYS390, дали примерно 4580 лет со времени жизни общего предка субклада R1b-L21, а расчеты по всем 111-маркерным гаплотипам, с общим числом аллелей 384728, дали 3810±381 или 4197±274 лет, по линейному и квадратичному методам, то есть заметно ниже. Но в этом статистика и заключается, что мутации неупорядоченные, по отдельности различаются, но все они группируются вокруг некого «центра», «ядра», и при усреднении математический аппарат дает среднюю величину и величину погрешности расчетов, или среднее квадратичное отклонение при определенных доверительных интервалах. В данном случае DYS390 – это всего один маркер, а их сто одиннадцать. Но даже в 6-маркерных гаплотипах, куда DYS390 входит, усреднение по всем шести дает датировку 4161±421 лет, то есть датировка по одному DYS390 входит в диапазон погрешностей. А датировка по 6-маркерному гаплотипу входит в диапазон погрешностей для серии 111-маркерных гаплотипов.

Вопрос 63: **Как проводились расчеты констант индивидуальных скоростей мутаций для всех 111 маркеров?**

Это – результат большой работы, которая проводилась с 24 сериями 111-маркерных гаплотипов практически всех гаплогрупп, для которых в базах данных эти гаплотипы были числом хотя бы в несколько десятков. Для большинства гаплогрупп расчетные серии содержали сотни гаплотипов – помимо упомянутых ранее 3466 гаплотипов субклада R1b-L21, были 859 и 976 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a (разные серии), 829 гаплотипов гаплогруппы R1b-Uio6, 968 гаплотипов гаплогруппы I1, 661 гаплотипов гаплогруппы J, 1417 гаплотипов гаплогруппы J2, и так далее, общим числом П850 гаплотипов в 111-маркерном формате. При этом проверялась сходимость расчетов гаплотипов разных форматов и расчетов разными методами. Результаты этой работы опубликованы в Вестнике Академии ДНК-генеалогии в 2015 году[59].

Расчеты констант скоростей мутаций в маркерах производятся на основании их распределений в больших сериях гаплотипов. Чем меньше константа скорости мутации данного маркера, тем, естественно, меньше мутаций за определенное время, в качестве которого обычно рассматривается время, прошедшее от общего предка. Если взять, например, серию из 3466 гаплотипов субклада R1b-L21, к которой мы здесь неоднократно обращались именно потому, что она одна из наиболее репрезентативных по численности гаплотипов, то маркере DYS472 там всего пять мутаций:

7 – 1 (то есть аллель 7 встречается в 3466 маркерах DYS472 всего один раз)
8 – 3461 раз
9 – 4 раз

В маркере DYS393 в той же серии уже 232 мутации:
11 – 2
12 – 81
13 – 3237
14 – 145
15 – 1

В маркере DYS390 – 1165 мутаций:
21 – 3

---

59 Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

22 – 22
23 – 228
24 – 2364
25 – 815
26 – 33
27 – 1

Поскольку время от общего предка во всех трех случаях одно и то же, то даже не зная его, уже можно заключить, что константы скорости мутаций должны отличаться друг от друга в пропорции 5: 232: 1165 (числа – количества мутаций от базового маркера для трех маркеров), или, пропорционально, 1: 46: 233 Это – тогда, когда нет осложняющих факторов, которые, впрочем, есть всегда. Среди этих факторов – примесь посторонних гаплотипов, почти неизбежная при массовых тестированиях, перекошенная серия гаплотипов, когда одних родственников (даже отдаленных) в серии больше, чем других, когда в серии присутствуют представители нижестоящих субкладов, причем одних субкладов больше, чем других, и так далее. Вывод такой, что одной серией гаплотипов при расчетах констант скоростей мутаций ограничиваться нельзя, надо проводить рассмотрение многих серий гаплотипов из разных гаплогрупп, выяснять по возможности причины различий, и усреднять полученные константы скоростей мутаций по разным сериям. В некоторых сериях отклонения буквально гипертрофированные – например, в той же серии R1b-L21 оказалось несколько сотен гаплотипов дочернего субклада R1b-M222, у которого характерная величина аллели DYS392=14 вместо обычной DYS392=13. Если этого не знать или не заметить, то число мутаций в медленном маркере DYS392 окажется завышенным на сотни мутаций, и формально рассчитанная «константа скорости» окажется несуразно высокой.

При сопоставлении расчетных констант по большой серии гаплогрупп такие искажения должны быть заметны, проанализированы, и если причина выяснена и действительно показано, что это искажения, то эти выпадающие величины должны быть приняты во внимание. Таким образом видно, что это кропотливая и большая работа. Дилетанты или прочие любители обычно выхватывают одну серию гаплотипов, делят одно на другое, без всяких перекрестных проверок и размышлений, и вуаля, ответ готов. Он часто такой – «расчеты по мутациям смысла не имеют». Пример такой дилетантской (в данном отношении) статьи Busby et al (2011)[60], сюда же относятся неквалифицированные рассуждения Dienekes Pontikos[61], и прочих. Они основывались именно на выхватывании отдельных величин, которые оказались искаженными, и отсюда делались «глобальные» негативные выводы. По аналогии, можно бросить монету три раза, и на основании полученного результата объявить теорию вероятности «псевдонаукой».

Проще с протяженными гаплотипами, в первую очередь 67– и 111-маркерными, в которых искажения в индивидуальных маркерах, которые (искажения) также имеют статистический характер, уравновешиваются, компенсируются на множестве маркеров, и в итоге дают взаимно согласованные данные. Примеры (показаны датировки протяженных серий 111-маркерных гаплотипов, первая колонка – 67-маркерные гаплотипы, вторая – 111-маркерные), датировки без округления:

---

[60] Busby, Brisighelli, F., Sanchez-Diz, P., Ramos-Luis, E., Martinez-Cadenas, C., Thomas, M.G., Bradley, D.G., Gusmao, L., Winney, B., Bodmer, W., Vennemann, M., Coia, V., Scarnicci, F., Tofanelli, S., Vona, G., Ploski, R., Vecchiotti, C., Zemunik, T., Rudan, I., Karachanak, S., Toncheva, D., Anagnostou, P., Ferri, G., Rapone, C., Hervig, T., Moen, T., Wilson, J.F., Capelli, C. (2011) The peopling of Europe and the cautionary tale of Y chromosome lineage R-M269. Proc. Royal Soc. B, published online, doi:10.1098/rspb.2011.1044.

[61] Klyosov, A.A. (2011) The recent infamous (and fa1led) attempt to discredit the mutation rate constants. An overview of Busby et al. (2011) article in Proc. Of the Royal Soc. (B) and Dienekes Ponticos “essay” in his Anthropology Blog. Proc. Of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4. No. 9, 18311892.

Гаплогруппа	
E1b, 470 гаплотипов	9241±927, 9801±982 лет (разница – 6.1%)
I1, 968 гаплотипов	3618±363, 3686±369 (разница – 1.9%)
I2, 244 гаплотипов	9324±938, 9575±961 (разница – 2.7%). Примечание – на дереве гаплотипов выявлены ветви из 52 и 35 гаплотипов, их датировки:
I2, ветвь из 52 гаплотипов	5098±533, 5066±521 лет (разница 0.6%)
I2, ветвь из 35 гаплотипов	3517±384, 3542±374 лет (разница 0.7%)
J1, ветвь из 661 гаплотипов	3355±337, 3245±326 лет (разница 3.4%)
J1, ветвь из 72 гаплотипов	8114±830, 8469±858 лет (разница 4.4%)
J2, 417 гаплотипов	8993±903, 9914±993 лет (разница 10%)
J2, ветвь из 79 гаплотипов	7226±739, 7362±746 лет (разница 1.9%)
N1c1, 275 гаплотипов	3387±333, 3233±326 лет (разница 4.8%)
R1a, 862 гаплотипа	4386±440, 3946±395 лет (разница 11%)
R1b-L21, 3466 гаплотипов	3841±384, 3810±381 лет (разница 0.8%)
R1b-U152, 424 гаплотипа	3822±385, 3850±387 лет (разница 0.7%)
R1b-U106, 829 гаплотипов	3780±379, 3584±359 лет (разница 5.5%)
R1b-M269, 204 гаплотипа	4746±481, 4583±462 (разница 3.6%)
R1b-M269, 596 гаплотипов	4661±468 лет (67-маркерный формат)
T, 164 гаплотипа	7337±742, 7198±725 (разница 1.9%)
T, ветвь из 135 гаплотипов	6170±626, 6180±624 лет (разница 0.16%)

Часто спрашивают, а сохраняются ли константы скоростей мутаций в других гаплогруппах и субкладах? Ответ – естественно, сохраняются, так как откуда, например, маркер DYS393 «знает», какая там снип-мутация имеется на другом конце Y-хромосомы, и

которая определяет носителя Y-хромосомы в определенный субклад? Маркер есть маркер, это обычно три– или тетра-нуклеотид, повторяющийся определенное количество раз в Y-хромосоме. Раз в несколько тысяч лет он удлиняется или укорачивается на одно (обычно) звено, и что ему до удаленной снип-мутации? Но люди интересуются, обычно не задумываясь о таких деталях, им представляется, что гаплогруппа – это что-то большое и материальное, вляющее на скорости мутации во всей Y-хромосоме каким-то чудодейственным образом.

Еще пример – субклад R1b-M222, в котором 818 аллелей маркера DYS393 распределяются следующим образом:

12 – 5
13 – 791
14 – 22

Число мутаций (от базового значения маркера) равно 27, что дает 27/818/0.00059 = 56 → 57 условных поколений, или 1425±310 лет до общего предка. По данным расчета по снипам субклад R1b-M222 образовался 4300 лет назад (http://www.yfull. com/tree/R1b/), но популяция прошла бутылочное горлышко, и общий предок современных носителей R1b-M222 жил на три тысячи лет позже. Такое бывало довольно часто.

Еще один непростой пример – гаплогруппа J2. Пример непростой, потому что гаплогруппа древняя, и состоит из многих обрывков ДНК-генеалогических линий, которые усложняют расчеты. Посмотрим, насколько однородный там набор из 587 аллелей маркера DYS393, которые распределяются следующим образом:

9 – 1
10 – 0
11 – 5
12 – 510
13 – 65
14 – 5
15 – 1

Всего – 86 одношаговых мутаций. Мы видим опять несимметричное распределение аллелей, идущих «на понижение» и «на повышение». Но если это пока отложить на последующее рассмотрение, то 86 мутаций для 587 аллелей – это при равном «возрасте» общего предка соответствует 508 мутациям для 3466 аллелям (в субкладе R1b-L21), а там – только 232 мутации, то есть в 2.19 раз меньше. В идеальном случае (без осложняющих факторов) это соответствует датировке общего предка для выборки J2 примерно 3810x2.19 = 8300 лет. Определение датировки по 417 гаплотипам (другая выборка) гаплогруппы J2 дало 8993±903 и 9914±993 лет до общего предка (по 67– и 111-маркерным гаплотипам). Разница заметная (8 % и 19 %, соответственно), но район датировок тот же, тем более с учетом, что мы сравниваем датировку по одному маркеру с датировками по 67 и 111 маркерам.

Еще одна илюстрация, как примеси сторонних субкладов искажают датировки. В субкладе R1b-L21 3466 аллелей DYS392 распределяются следующим образом:

11 – 8
12 – 22
13 – 2715
14 – 675
15 – 30
16 – 16

Здесь перекос в распределении (по маркеру DYS392=14) вызван тем, что подавляющая часть аллелей «14» относится к нижестоящему субкладу R1b-M222, в котором данная аллель является предковой, и закрепилась в последующих поколениях. В итоге из 821 мутаций 675

относится к отдельному субкладу, со своим общим предком. Для правильного расчета надо инородные аллели снимать, например, путем построения дерева гаплотипов, в котором субклад M222 уйдет в отдельную ветвь, и соответствующие гаплотипы из счета надо также снимать. При этом снятыми окажутся 655 аллелей «14», 24 аллели «15» и все 16 аллелей «16», и распределение окажется вполне симметричным:

11 – 8
12 – 22
13 – 2715
14 – 19
15 – 5

Вопрос 64: **Как связаны между собой индивидуальные константы скорости отдельных маркеров, и суммарная (кумулятивная) константа скорости мутации по всему гаплотипу?**

Выше мы рассматривали константы скоростей мутаций в отдельных маркерах, как 0.00059 мутаций на условное поколение в маркере DYS393, или 0.00220 мутаций на условное поколение в маркере DYS390. И здесь вступает в силу важное правило химической кинетики: константы скоростей в параллельных реакциях (в данном случае – мутациях) суммируются, если регистрируется расходование исходного вещества или образование суммарного продукта реакции, и изучается скорость этого суммарного процесса. Простой пример – если из бассейна вода вытекает по нескольким трубам разной толщины, то можно изучать скорость вытекания воды по каждой трубе отдельно, но если интересует общая потеря воды, то суммируется потеря воды по всем трубам. Это практически полная аналогия с расходованием предкового гаплотипа и с накоплением гаплотипов потомков. Этот процесс можно изучать по каждому маркеру в отдельности, а можно – по всему гаплотипу, то есть по сумме маркеров.

Рассмотрим простой случай – 12-маркерный гаплотип, состоящий из маркеров DYS 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 426, 388, 439, 389-1, 392, 389-2. Пример – гаплотип гаплогруппы I2a, а именно ее ветви L147.2, к которой относятся почти все восточноевропейские носители этой гаплогруппы, общий предок которых жил примерно 2300 лет назад:

13 24 16 11 14 15 11 13 13 13 11 31

Константы скоростей индивидуальных маркеров следующие:
DYS393 0.00059
DYS390 0.00220
DYS19 0.00179
DYS391 0.00220
DYS385a 0.00280
DYS385a 0.00360
DYS426 0.00009
DYS388 0.00022
DYS439 0.00300
DYS389-1 0.00080
DYS392 0.00040
DYS389-2 0.00231

Но поскольку мутации во всех этих маркерах происходят независимо и неупорядоченно, и мы, как правило, заинтересованы в скорости мутации всего гаплотипа, а не его отдельных маркеров (многочисленные примеры будут даны ниже), то суммарная константа скорости мутаций во всем гаплотипе равна сумме индивидуальных констант скоростей, которая равна 0.0200 мутаций на условное поколение (25 лет).

Так же рассчитываются суммарные константы скорости мутаций в гаплотипах, которые приведены ниже.

Надо сказать, что здесь даются упрощенные примеры, потому что по двум гаплотипам расчеты обычно не ведут, ведут по десяткам, сотням и тысячам гаплотипов, если таковые есть в наличии, рассчитывают математические погрешности в определяемых числах, и т. д. В таких случаях погрешности расчетов приближаются к плюс-минус 10 % от определяемой величины, поскольку именно такой определена погрешность вычисления константы скорости мутации. Здесь только иллюстрируется принцип расчета.

Ясно, что у протяженных 111-маркерных гаплотипов разрешение лучше (400-маркерные гаплотипы пока крайняя редкость). Но их определять дороже, чем более короткие, поэтому в академических исследованиях, при постоянной нехватке денежных средств, приходится работать с более короткими гаплотипами. Протяженные гаплотипы определяют в коммерческих компаниях, обычно персонально, каждый для себя, и передают, как правило, в общественные базы данных. Сейчас в общественных базах данных – сотни тысяч гаплотипов, и базы прирастают многими гаплотипами ежедневно[62].

Вопрос 65: **Какие значения имеют все 111 маркеров, применяемые в ДНК-генеалогии?**

Таблица приведена ниже. Числа 0.02, 0.046 и 0.09 справа – значения констант скоростей мутаций для 12-, 25-, и 37-маркерных гаплотипов, выраженных в мутациях на гаплотип на условное поколение (в 25 лет). Для 67-маркерных гаплотипов, которые заканчиваются маркером DYS565 константа скорости равна 0.12 мутаций на гаплотип на условное поколение. Самое последнее число, 0.198 – константа скорости мутаций на 111-маркерный гаплотип на условное поколение. Эти величины приведены и обоснованы в статье[63] Клёсова и Килина (2015). Обоснование велось по восьми направлениям:

1) Сопоставление датировок, полученных с помощью линейного метода (ЛМ) по 67– и 111-маркерным гаплотипам. Это – наиболее достоверные форматы гаплотипов.

2) Сопоставление датировок, полученных с помощью ЛМ по п.1, и 37-, 25-, 17-, 12 и 6 – маркерным гаплотипам. При этом надо принимать во внимание, что чем меньше число маркеров, тем выше разброс. Поэтому разброс – это нормально, но систематическое (или постоянное) завышение или занижение результатов по сравнению с 67/111 маркерными расчетами – это ненормально. В каждом случае причины соответствующих отклонений анализировались.

3) ЛМ по п.1 и 22-маркерным (медленным) гаплотипам.

4) ЛМ по п.1 в применении к документальным генеалогиям, и тем, для чего известны расчеты другими достоверными методами (например, по снипам). Правда, по снипам надо принимать во внимание, что там нет «бутылочных горлышек популяции», поэтому результаты расчетов по снипам будут или равны результатам расчетов по ЛМ, или давать завышенные результаты. Если есть и то, и другое, то это нормально.

5) ЛМ по 67– и 111-маркерным гаплотипам, и ККК (квадратичный по индивидуальным константам) по ним же.

---

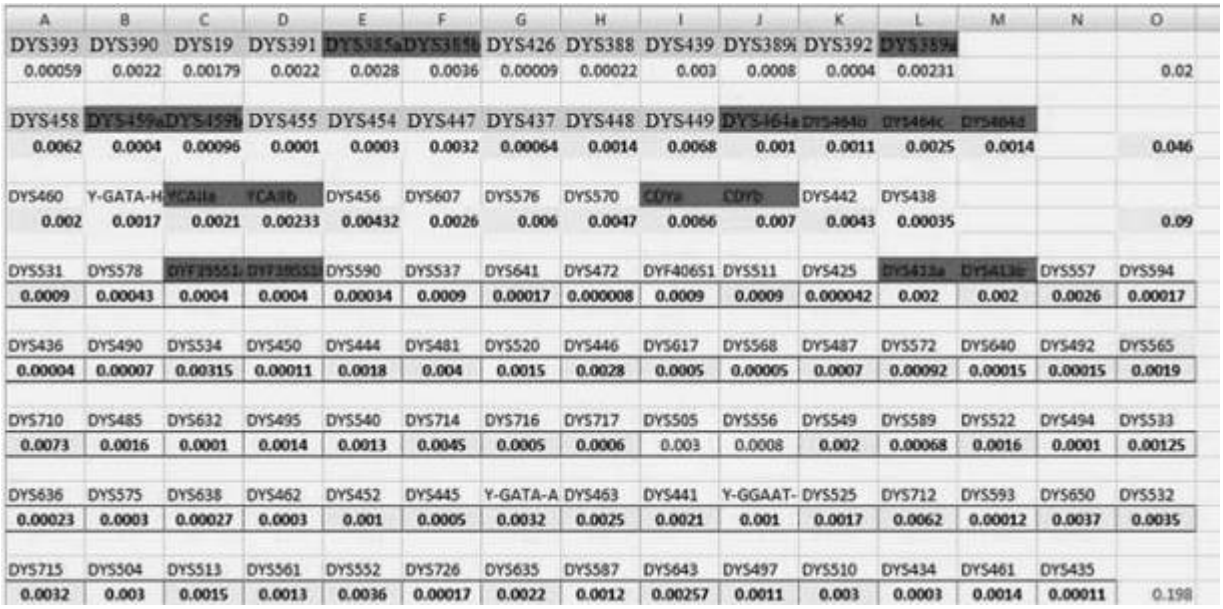
62 http://r1a.org/irakaz-v03.xls, http://r1a.org/, / Интернет-сайт «R1a»; http://www.ysearch.org/, http://www.smgf.org/pages/ydatabase.jspx / Интернет-сайт «A Free Public Service from Family Tree DNA». http://www.familytreedna.com/public/R1 aY-Haplogroup/default.aspx?section=yresults, http:// www.familytreedna.com/public/R1a/default.aspx?section=yresults, / Интернет-сайт «Family Tree DNA»; Klyosov A. A., Rozhanskii I. L. Re-Examining the «Out of Africa» Theory and the Origin of Europeoids (Caucasoids) in Light of DNA Genealogy (2012). Advances in Anthropology, 2, No.2, 80–86 http://dx.doi. org/10.4236/aa.2012.22009 (список баз данных дан в конце статьи)

63 Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

6) ЛМ по 22-маркерным гаплотипам, и ККК по ним же.

7) «Медленные» 22-маркерные гаплотипы в сопоставлении с известными древними датировками.

8) Сопоставление расчетов по 111– и 67-маркерным гаплотипам с данными документальной генеалогии.



A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385a	DYS385b	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389I	DYS392	DYS389II			
0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022	0.003	0.0008	0.0004	0.00231			0.02
DYS458	DYS459a	DYS459b	DYS455	DYS454	DYS447	DYS437	DYS448	DYS449	DYS464a	DYS464b	DYS464c	DYS464d		
0.0062	0.0004	0.00096	0.0001	0.0003	0.0032	0.00064	0.0014	0.0068	0.001	0.0011	0.0025	0.0014		0.046
DYS460	Y-GATA-H	YCAIIa	YCAIIb	DYS456	DYS607	DYS576	DYS570	CDYa	CDYb	DYS442	DYS438			
0.002	0.0017	0.0021	0.00233	0.00432	0.0026	0.006	0.0047	0.0066	0.007	0.0043	0.00035			0.09
DYS531	DYS578	DYF395S1	DYF395S2	DYS590	DYS537	DYS641	DYS472	DYF406S1	DYS511	DYS425	DYS413a	DYS413b	DYS557	DYS594
0.0009	0.00043	0.0004	0.0004	0.00034	0.0009	0.00017	0.000008	0.0009	0.0009	0.000042	0.002	0.002	0.0026	0.00017
DYS436	DYS490	DYS534	DYS450	DYS444	DYS481	DYS520	DYS446	DYS617	DYS568	DYS487	DYS572	DYS640	DYS492	DYS565
0.00004	0.00007	0.00315	0.00011	0.0018	0.004	0.0015	0.0028	0.0005	0.00005	0.0007	0.00092	0.00015	0.00015	0.0019
DYS710	DYS485	DYS632	DYS495	DYS540	DYS714	DYS716	DYS717	DYS505	DYS556	DYS549	DYS589	DYS522	DYS494	DYS533
0.0073	0.0016	0.0001	0.0014	0.0013	0.0045	0.0005	0.0006	0.003	0.0008	0.002	0.00068	0.0016	0.0001	0.00125
DYS636	DYS575	DYS638	DYS462	DYS452	DYS445	Y-GATA-A	DYS463	DYS441	Y-GGAAT-	DYS525	DYS712	DYS593	DYS650	DYS532
0.00023	0.0003	0.00027	0.0003	0.001	0.0005	0.0032	0.0025	0.0021	0.001	0.0017	0.0062	0.00012	0.0037	0.0035
DYS715	DYS504	DYS513	DYS561	DYS552	DYS726	DYS635	DYS587	DYS643	DYS497	DYS510	DYS434	DYS461	DYS435	
0.0032	0.003	0.0015	0.0013	0.0036	0.00017	0.0022	0.0012	0.00257	0.0011	0.003	0.0003	0.0014	0.00011	0.198

Рис. 9. Значения индивидуальных констант скоростей мутаций для 111 маркеров

Вопрос 66: **Почему датировки по мутациям в гаплотипах и по снипам часто не совпадают?**

Строго говоря, это разные датировки. Расчеты по мутациям в гаплотипах наших современников дают временное расстояние до общего предка выборки. Если выборка малая, нерепрезентативная, то она может дать заниженное или завышенное расстояние до общего предка. С увеличением размера выборки, или числа выборок по изучаемой территории (вплоть до всего континента или всей планеты) датировка постепенно стабилизируется, приходя к значению, которое можно принять за наиболее особно-ванное. По аналогии, если бросать монету всего немного раз, то усредненное значение «вероятности» выпадения орла или решки может быть завышенным или заниженным по сравнению с известной вероятностью 0.5, но при увеличении числа бросков это усредненное значение стабилизируется, приближаясь к 0.5.

Важно, что время жизни общего предка выборки современников из определенной и выбранной гаплогруппы вовсе не обязательно покажет датировку образования данной гаплогруппы. Популяция данной гаплогруппы могла пройти «бутылочное горлышко», при котором могли выжить только некоторые, и потомство могло выжить и дожить до наших дней только от одного человека, пережившего бутылочное горлышко. Тогда, разумеется, датировка общего предка будет более недавней, чем датировка образования рассматриваемой гаплогруппы.

В отличие от этого, датировка по снипам не ограничена вымираниями древних популяций, если остался хотя бы один мужчина, прямое потомство от которого дожило до наших дней. Тогда цепочка снипов проходит в его Y-хромосоме до общего предка с шимпанзе и древнее. В этом причина, почему «датировка общего предка выборки» или «датировка общего предка региона», даже обширного, часто не совпадают друг с другом.

Пример – субклад V13 гаплогруппы E1b. Датировка образования субклада по снипам (компания YFull) – примерно 7600 лет назад, с учетом погрешности, приведенной YFull – 7600±1300 лет назад. С этим согласуется археологическая датировка ископаемого субклада E1b-V13, обнаруженный на севере Испании – примерно 7000 лет назад. Для вычисления

датировки общего предка выборки современных гаплотипов собрали 193 гаплотипа в 67-маркерном формате по всей Европе, и их дерево гаплотипов оказалось почти идеально симметричным:

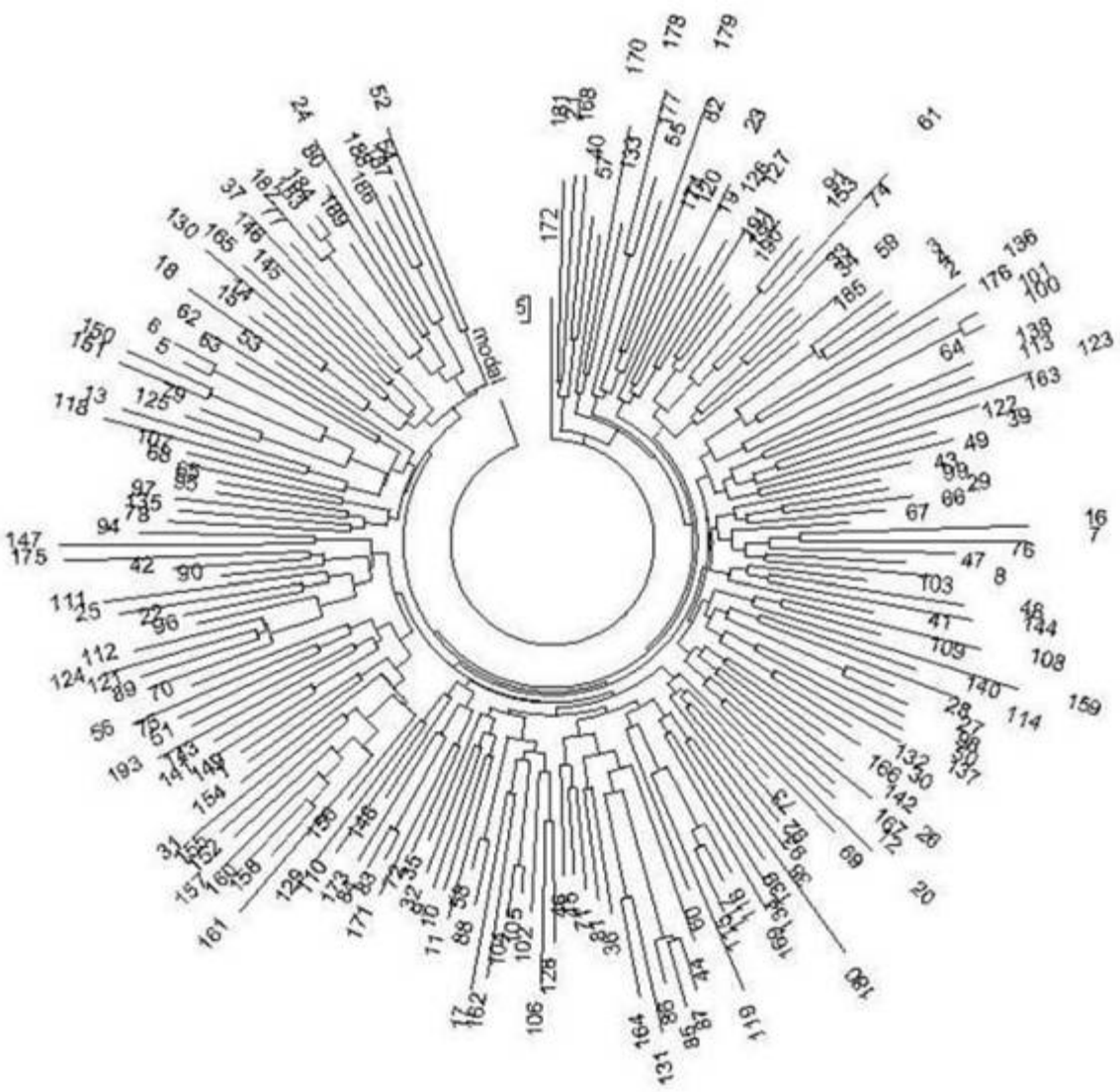


Рис. 10. Дерево 193 гаплотипов в 67-маркерном формате субклада E1b-V13

Все 193 гаплотипа содержат 2857 мутаций, что дает 2857/193/0.12 = 123 → 141 условных поколений до общего предка, то есть общий предок всей выборки жил 3525±360 лет назад[64, 65]. Мы столь подробно на этом останавливаемся, чтобы показать разрыв во времени между датировкой ископаемого гаплотипа группы E1b-V13, и датировкой общего предка современных носителей той же группы. Разрыв – почти четыре тысячи лет. На самом деле, разрыв, скорее всего, начался примерно 4500 лет назад, в ходе заселения континентальной Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, и продолжался тысячу лет. Это было время выживания ДНК-генеалогической линии E1b-V13, пока выживание не

64 Discussions. The mutation rate constants in DNA genealogy and related issues. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (2011), том 4, № 11,2108–2195.

65 Клёсов, А.А., Пензев, К.А. (2015) Арийские народы на просторах Евразии. М., Книжный мир, стр. 196–199.

состоялось окончательно, то есть критический размер популяции был преодолен.

Теперь проверим, как ископаемый гаплотип соотносится с современными гаплотипами субкладаVl3. Ископаемый имеет вид

13 24 13 10 16 19 11 13 11 31 16 14 20 10 22
(**ископаемый E1b-V13, Испания**)

Предковый гаплотип, к которому сходится дерево, показанное выше, в 67-маркерном формате имеет вид

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30–15 9 9 11 11 26 14 20 32 14 16
17 17 – 9 11 19 21 17 12 17 20 31 34 11 10–10 8 15 15 8 11 10 8 12 10
0 23 24 18 11 12 12 17 7 12 22 18 12 13 12 14 11 11 11 11
(**предковый гаплотип E1b-V13, 3525 лет назад**)

В маркерах, показанных для ископаемого гаплотипа, он редуцируется до следующего:

13 24 13 10 16 **18 12** 13 11 **30 15** 14 20 10 22
(**предковый E1b-V13, 3525 лет назад**)

Четыре мутации между гаплотипами (отмечены) разводят их на 2625 лет, и помещают их общего предка на (2625+3525+7000V2 = 6575±700 лет назад, что и соответствует датировке ископаемого гаплотипа в пределах погрешности расчетов. Таким образом, выжил, пройдя бутылочное горлышко популяции, прямой потомок «испанского» гаплотипа, и он принял эстафету рода, образовавшего сейчас дерево гаплотипов, показанное выше.

Напротив, для множества субкладов датировка для их образования по снипам и мутациям в гаплотипах, практически совпадают. Приведем всего несколько примеров – для субкладов I2a-S17250, l2a-Y4460 и I2a-Z17855, основных для носителей гаплогруппы I2a Восточной Европы, и снипы, и мутации в гаплотипах дали датировку 2300 лет назад. Для субклада R1a-Z280, который имеют половина этнических русских (наряду с субкладом R1a-M458), датировка по снипам и мутациям в гаплотипах дала 4900 лет назад, для субклада R1b-L23, основного субклада древнеямной культуры на территории современной России, потом переместившегося на Кавказ и в Месопотамию, датировка по снипам и мутациям в гаплотипах дала 6400±900 и 6000±600 лет, соответственно, и так далее.

Вопрос 67: **В примере выше вы приводили значения констант скоростей мутаций и для отдельных маркеров, как DYS393 и DYS390, так и для всего гаплотипа, от 6– до 111-маркерного, и даже до 409-маркерного. Как же все-таки нужно считать, по отдельным маркерам или по целым гаплотипам?**

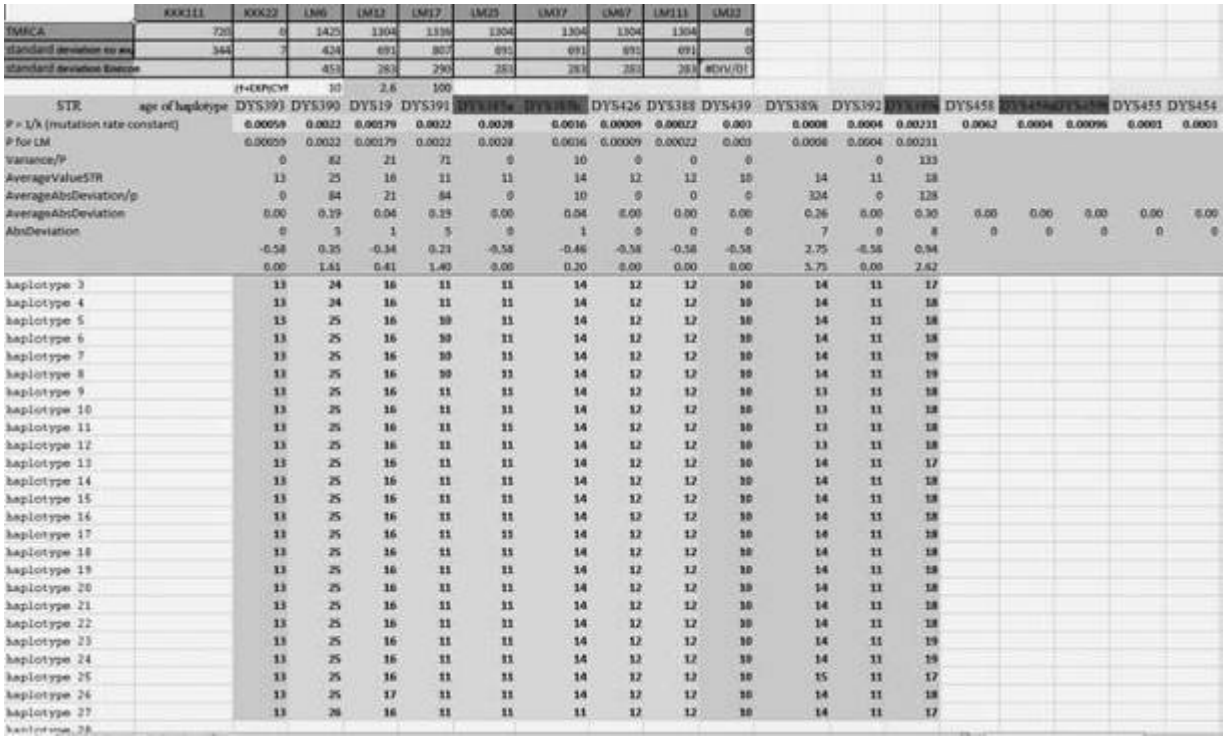
Это – хороший вопрос, он часто служит предметом путаницы. Считать можно и по отдельным маркерам, и по целым гаплотипам, и это определяется целесообразностью в каждом конкретном случае, удобством, экономией времени.

Приведем пример – серию из 27 гаплотипов в 12-маркерном формате. Это – реальная серия гаплотипов из одного из проектов (киргизского) FTDNA.

13 **24** 16 **10** 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 **24** 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 **24** 16 11 11 14 12 12 10 14 11 **17**
13 **24** 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 14 11 18

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 14 11 **19**
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 14 11 **19**
13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 **13** 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 **17**
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 **19**
13 25 16 11 11 14 12 12 10 14 11 **19**
13 25 16 11 11 14 12 12 10 **15** 11 **17**
13 25 **17** 11 11 14 12 12 10 14 11 18
13 **26** 16 11 11 **11** 12 12 10 14 11 **17**

Девять из них идентичны друг другу, это – базовые, или предковые гаплотипы. Они не успели мутировать за время, прошедшее от их общего предка. На все 27 гаплотипов приходится 27 мутаций (отмечены жирным шрифтом). Иначе говоря, за время, прошедшее от их общего предка, девять 12-маркерных гаплотипов полностью сохранились, 18 гаплотипов приобрели мутации. Популяционный генетик рассчитал бы «коэффициент разнообразия» гаплотипов, который никому и никогда не нужен, и на этом бы свою работу закончил соответствующей публикацией, а рецензент в журнале, тоже, естественно, попгенетик, статью бы без вопросов пропустил в печать. То, что это фактически мусор, ему бы и в голову не пришло, там «наука» такая. На самом деле эта серия гаплотипов позволяет расчитать, когда жил общий предок этих гаплотипов, и далее, прослеживая подобные гаплотипы по территориям, и каждый раз рассчитывая времена жизни общих предков, можно понять, в какую сторону направлялись древние миграции, и сопоставляя полученные данные с археологическими и лингвистическими показателями, можно получать более содержательные картины прошлого.



	XXX111	XXX22	LM6	LM12	LM17	LM25	LM37	LM67	LM111	LM22
TMRCA	720	0	1425	1304	1336	1304	1304	1304	1304	0
standard deviation sq avg	344	7	424	691	807	691	691	691	691	0
standard deviation Eescon			453	283	290	283	283	283	283	#DIV/0!
		(1+CER)CV*	10	2.6	100					

STR	age of haplotype	DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385a	DYS385b	DYS426	DYS388	DYS439	DYS389i	DYS392	DYS389ii	DYS458	DYS459a/DYS459b	DYS455	DYS454
P = 1/k (mutation rate constant)		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0016	0.00009	0.00022	0.003	0.0008	0.0004	0.00231	0.0062	0.0004	0.00096	0.0001	0.0003
P for LM		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0016	0.00009	0.00022	0.003	0.0008	0.0004	0.00231					
Variance/P		0	82	21	71	0	10	0	0	0		0	133					
AverageValueSTR		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
AverageAbsDeviation/p		0	84	21	84	0	10	0	0	0	324	0	128					
AverageAbsDeviation		0.00	0.19	0.04	0.19	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.26	0.00	0.30	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
AbsDeviation		0	5	1	5	0	1	0	0	0	7	0	8	0	0	0	0	0
		-0.58	0.35	-0.34	0.21	-0.58	-0.46	-0.58	-0.58	-0.58	2.75	-0.58	0.94					
		0.00	1.41	0.41	1.40	0.00	0.20	0.00	0.00	0.00	5.75	0.00	2.62					
haplotype 3		13	24	16	11	11	14	12	12	10	14	11	17					
haplotype 4		13	24	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 5		13	25	16	10	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 6		13	25	16	10	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 7		13	25	16	10	11	14	12	12	10	14	11	19					
haplotype 8		13	25	16	10	11	14	12	12	10	14	11	19					
haplotype 9		13	25	16	11	11	14	12	12	10	13	11	18					
haplotype 10		13	25	16	11	11	14	12	12	10	13	11	18					
haplotype 11		13	25	16	11	11	14	12	12	10	13	11	18					
haplotype 12		13	25	16	11	11	14	12	12	10	13	11	18					
haplotype 13		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	17					
haplotype 14		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 15		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 16		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 17		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 18		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 19		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 20		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 21		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 22		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 23		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	19					
haplotype 24		13	25	16	11	11	14	12	12	10	14	11	19					
haplotype 25		13	25	16	11	11	14	12	12	10	15	11	17					
haplotype 26		13	25	17	11	11	14	12	12	10	14	11	18					
haplotype 27		13	26	16	11	11	11	12	12	10	14	11	17					

Рис. 11. Расчет времени до общего предка для 27 гаплотипов в 12-маркерном формате из Киргизского проекта FTDNA. Поскольку гаплотипы 12-маркерные, то же расстояние до общего предка (TMRCA), 1304±283 лет, повторено в колонке для 225-, 37-, 67– и 111-маркерных гаплотипов. Колонка для 6-маркерных гаплотипов показывает 1425±453 лет до общего предка, что является тем же самым в пределах погрешности расчетов. Остальными колонками следует пренебречь.

Так вот, рассчитать время жизни общего предка можно разными способами. Можно – используя все 12 индивидуальных констант (k) скоростей мутаций, и считать по каждому маркеру, раздельно. Их величины приведены выше, в ответах на вопрос 65. Тогда результатом расчета будет набор из 12 «времен жизни до общего предка», который следует усреднить Это – очень непродуктивный метод расчета, и так вручную никто не считает (тем более всего для 27 гаплотипов, с крайне бедной статистикой). Но это – основа для машинных (компьютерных) расчетов, особенно для сотен и тысяч гаплотипов, и итоговое усреднение проводится по всему полю данных. Именно так работает калькулятор Килина-Клёсова[66], в который заложены значения констант скоростей для 111 маркеров, и расчет проводится по массиву данных до 10 тысяч гаплотипов практически в любом формате. Время расчета даже для 10 тысяч 111-маркерных гаплотипов занимает всего несколько секунд. В данном случае у шести маркеров из 12 мутаций нет, так что для них формальное «время до общего предка» равно нулю, но оно усредняется с результатами по шести оставшимся маркерам, и суммарно оно оказывается равно 1304±283 лет до общего предка (без округлений). Скриншот калькулятора с экрана компьютера приведен на рис 11.

Мы видим и сами гаплотипы, которые вводятся в соответствующие ячейки в формате Excel – или вручную, или копируются целиком из соответствующего файла, и число мутаций по каждому маркеру (третья строка снизу на сером фоне), сумма которых равна в данном случае 27. В формате Excel сумму их не обязательно подсчитывать вручную, можно просто все высветить курсором и прочитать сумму на экране. Программа также показывает базовые (предковые) значения аллелей (шестая строка снизу на сером фоне), и много другой важной информации. Датировка времени жизни общего предка читается в колонке LM12, что

66 Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

означает «линейный метод (расчета) по 12-маркерным гаплотипам». В колонках для 25-, 37-, 67– и 111-маркерных гаплотипов появляется то же самое число лет, что и для 12-маркерных гаплотипов, и странно было бы ожидать другого. В других колонках числа не являются правильными, потому что для них просчитывается только часть маркеров (колонки для 17-маркерных и 22-маркерных гаплотипов, и обозначенные ККК, то есть квадратичный расчет для 111– и 22-маркерных гаплотипов). Для проверки работы калькулятора можно разделить число мутаций на число гаплотипов и на константу скорости мутации для 12-маркерных гаплотипов, 27/27/0.02 = 50 условных поколений без введения поправки на возвратные мутации, которая равна 1.0433. Эта поправка рассчитывается, как показано в ответе на вопрос 61. В данном случае средняя величина числа мутаций на маркер равна 27/27/12 = 0.0833, и формула для расчета поправки приобретает вид

$$\lambda = \frac{0.0833}{2}(1+\exp(0.0833)),$$

где величина поправочного коэффициента (1+e0.0833)/2 равна 1.0433, и вместо 50 условных поколений получаем 52.165, что соответствует 1304 годам до общего предка, то есть в точности то, что выдал калькулятор. Погрешность при 27 мутациях рассчитывается путем обратной величины квадратного корня из 27, что есть 0.19245, возведением полученной величины в квадрат и прибавлением 0.01 (10 %-й погрешности для константы скорости мутации), получая 0.0470, и после извлечения квадратного корня получаем общую погрешность в ±21.69 %. Окончательно записываем, что датировка общего предка рассмотренной серии из 27 гаплотипов равна 1304±283, в точности то, что рассчитал калькулятор, только в данном случае он рассчитал за долю секунды.

Надо заметить, что калькулятор выдает такую точность, которая не только бессмысленна, но и неправильна, потому что расстояние до общего предка с точностью до одного года не бывает, и погрешность с точностью до одного года не определяется. Поэтому полученную величину следует округлить, например, так: 1300±280 лет до общего предка.

Еще один способ расчета называется логарифмическим[67], в котором мутации даже не считаются. Поскольку в серии из 27 гаплотипов 9 базовых, то получаем [ln(27/9)]/0.02 = 55 → 58 условных поколений, то есть 1450±500 лет до общего предка. Как видно, это в пределах погрешности расчетов совпадает с величиной, полученной и линейным способом, и с помощью калькулятора Килина-Клёсова. Для концептуальных выводов это вполне приемлемо. Концептуальными здесь называются выводы (или результаты), которые ставят задачей расчеты с точностью, которая позволяет сделать принципиальные выводы, например, исторического характера. Как известно, историки и археологи часто оперируют концептуальными положениями, например, что скифы играли роль на исторической арене примерно с 7-го века до начала нашей эры, сарматы – с начала нашей эры до примерно 4-го века нашей эры, кельты – примерно с 4-го века до н. э., хотя есть варианты. Иначе говоря, в этих случаях датируются не конкретные события, а концептуальные. ДНК-генеалогия часто очень полезна в таких случаях. Например, что общий предок этнических русских гаплогруппы R1a и общий предок индийцев высших каст гаплогруппы R1a жил практически в одно и то же время. В пределах погрешности измерений, это был – концептуально – один и тот же общий предок. Никто не ожидает там датировку с точностью до года или около того. Речь – о концепции, а не о точной формальной датировке.

---

[67] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216.

Вопрос 68: **Как измеряют константы скоростей мутаций?**

Часто приходится слышать, что если скорости мутаций такие малые, что одна мутация происходит порой раз в несколько тысяч лет, то как же их измеряют? Скептики тут же заключают, что эти величины недостоверны, поскольку эксперименты длиной в тысячи лет невозможны. Это только показывает ментальную удаленность скептиков от науки. Аналогия – времена полураспада многих радиоактивных элементов составляют тысячелетия или намного большие времена – например, период полураспада радия-226 составляет 1620 лет, а урана-238 – 4.5 миллиарда лет. Никто из исследователей не сидит и не ждет, пока половина вещества распадется.

Один из подходов при измерении величин констант скоростей мутаций – сопоставление гаплотипов в парах отец-сын. Если изучается группа, например, в 2000 пар отец-сын, то среднее количество мутаций между их гаплотипами определяется по формуле x/2000/k = 1, где x – количество мутаций, k – константа скорости мутаций.

Чтобы понять, сколько мутаций можно ожидать в таких опытах, приведем список диапазонов констант скоростей мутаций[68](в числе мутаций за условное поколение, то есть за 25 лет), из полного списка выше.

Ниже приведены самые «медленные» 22 маркера в 67-маркерной панели:

DYS472 0.000008
DYS436 0.000040
DYS425 0.000042
DYS568 0.000050
DYS490 0.000070
DYS426 0.000090
DYS455 0.000100
DYS450 0.000110
DYS492 0.000150
DYS640 0.000150
DYS641 0.000170
DYS594 0.000170
DYS388 0.000220
DYS454 0.000300
DYS590 0.000340
DYS438 0.000350
DYS392 0.000400
DYF395Sib 0.000400
DYF395Sia 0.000400
DYS459a 0.000400
DYS578 0.000430
DYS617 0.000500

Все они, кроме DYS459a, образуют «медленную» 22-маркерную панель для расчетов особенно удаленных по времени общих предков серий гаплотипов. Маркер DYS459a в 22-маркерную панель не включен, поскольку для него характерен так называемый палиндромный, или «мультимаркерный» эффект, при котором при мутациях маркеры меняются синхронно, парами. Правда, этот эффект присущен также маркерам DYF395S, но так уж сложилось, что они вошли в эту панель. Вместо DYS459a в 22-маркерную панель введен DYS531.

---

[68] 68. Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

Самые медленные маркеры панели от маркеров от 68 до 111 следующие:

DYS632 0.000100
DYS494 0.000100
DYS435 0.000110
DYS593 0.000120
DYS726 0.000170
DYS636 0.000230
DYS638 0.000270
DYS575 0.000300
DYS434 0.000300
DYS462 0.000300
DYS445 0.000500
DYS716 0.000500

Самые «быстрые» маркеры в 111-маркерной панели следующие:

DYS710 0.007300
CDYb 0.007000
DYS449 0.006800
CDYa 0.006600
DYS712 0.006200
DYS458 0.006200
DYS576 0.006000
DYS570 0.004700
DYS714 0.004500
DYS456 0.004320
DYS442 0.004300
DYS481 0.004000

Мы видим, что самые «медленные» маркеры мутируют со средней скоростью от 0.000008 мутаций в поколение (то есть в среднем раз в 125 тысяч поколений, или более чем в 3 миллиона лет) до 0.00050 мутаций в поколение (в среднем раз в 2000 поколений, или примерно раз в 50 тысяч лет). Можно эти числа объяснить по-другому – наиболее «медленные» мутации происходят в среднем раз на 125 тысяч рождений мальчиков (DYS472), или раз на 125 тысяч пар отец-сын, до одного раза на 2000 рождений мальчиков, или один раз на 2000 пар отец-сын. Отсюда уже ясно, что большинство из приведенные выше «медленных» маркеров практически бесполезны на парах отец-сын, потому что подавляющее большинство из них вообще не дадут мутаций даже на 2000 парах, в лучшем случае некоторые дадут одну мутацию, из которых константу скорости не вычислить, погрешность таких расчетов составит плюс-минус 100 % даже при доверительном интервале в 68 % (одна сигма). Поразительно, что популяционные генетики используют такие «скорости мутаций», расчитанные из одной мутации, или даже без единой мутации в парах отец-сын (приведенные, например, в работах[69], [70]), даже не задумываясь, что смысла в этом

[69] Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

[70] Burgarella, C, Navascues, M. (2011) Mutation rate estimates for 110 Ychromosome STRs combining population and father-son pair data. Eur. J. Hum. Genet., 19, 70–75.

нет практически никакого. Естественно, получают при этом невоспроизводимые «времена жизни общих предков», и объявляют, что по мутациям в гаплотипах считать нельзя (D. Pontikos[71]; Busby et al[72]).

Самые «быстрые» маркеры мутируют в среднем от частот (1/0.0073) один раз в 137 условных поколений, то есть примерно раз в 3400 лет, или один раз на 137 рождений мальчиков, до примерно (1/0.004) один раз в 250 условных поколений. Давайте посмотрим, как это выглядит на практическом примере. Воспользуемся тем же набором из 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21. В маркере DYS472, самом «медленном», аллели образуют следующий набор:

7 – 1 (то есть аллель 7 встречается в 3466 маркерах DYS472 всего один раз)
8 – 3461 раз
9 – 4 раза

Таким образом, мы наблюдаем всего пять мутаций на 3466 маркеров DYS472 за 152 условных поколений (расчеты см. выше), прошедших со времени жизни общего предка этих гаплотипов. Это дает константу скорости мутации, равную примерно 5/3466/152 = 0.95 × 10-5 мутаций на условное поколение. Если давать более строгую формулировку, то при пяти мутациях надо написать (0.95±0.43) × 10-5 мутаций на условное поколение, или, что более правильно, (1.0±0.4) × 10-5 мутаций на условное поколение. Погрешности здесь рассчитываются по обычным правилам статистики, как квадрат обратной величины квадратного корня из числа мутаций. Здесь мы пренебрегли поправкой на возвратные мутации, потому что она в данном случае практически ничего не меняет, поправка составит менее одной сотой доли процента.

Но этот расчет проведен только на одной серии гаплотипов. В серии из 976 гаплотипов гаплогруппы R1a в маркере DYS472 прошла всего одна мутация, что при 154 условных поколениях до общего предка дает константу скорости мутации 1/976/154 = 0.67 × 10-5 на условное поколение. В целом, при подобном рассмотрении серий гаплотипов из 24 разных субкладов средняя величина для константы скорости мутации для DYS472 оказалась равной 0.8 × 10-5 мутаций на условное поколение.

Заметим, что это – самая «медленная скорость мутации из всех 111 маркеров. Для остальных задача решается еще проще, там мутаций больше.

Приведем еще несколько примеров «медленных» маркеров, расчеты по которым самые сложные. По парам отец-сын они вообще не определяются. Например, маркер DYS455. В серии из 3466 аллелей этого маркера наблюдаем следующее распределение:

9 – 6 (то есть аллель 9 встречается в 3466 маркерах DYS455 всего 6 раз)
10 – 28
11 – 3409
12 – 23

Считая, что все мутации одношаговые, получаем 63 мутации на 3466 аллелей DYS455 за те же 152 условных поколения, прошедших со времени жизни общего предка этих

---

[71] Klyosov, A.A. (2011) The recent infamous (and fa1led) attempt to discredit the mutation rate constants. An overview of Busby et al. (2011) article in Proc. Of the Royal Soc. (B) and Dienekes Ponticos “essay” in his Anthropology Blog. Proc. Of the Russian Academy of DNA Genealogy, vol. 4. No. 9, 18311892.

[72] Busby, G.B.J., Brisighelli, F., Sanchez-Diz, P., Ramos-Luis, E., Martinez-Cadenas, C., Thomas, M.G., Bradley, D.G., Gusmao, L., Winney, B., Bodmer, W., Vennemann, M., Coia, V., Scarnicci, F., Tofanelli, S., Vona, G., Ploski, R.,

Vecchiotti, C., Zemunik, T., Rudan, I., Karachanak, S., Toncheva, D., Anagnostou, P., Ferri, G., Rapone, C., Hervig, T., Moen, T., Wilson, J.F., Capelli, C. (2011) The peopling of Europe and the cautionary tale of Y chromosome lineage R-M269. Proc. Royal Soc. B, published online, doi:10.1098/ rspb.2011.1044.

гаплотипов. Это дает константу скорости мутации, равную 63/3466/152 = 0.00012±0.00002 мутаций на маркер DYS455 за условное поколение. Поправка на возвратные мутации здесь составляет менее одного процента, поэтому вводить ее бессмысленно. В таблице выше дана константа скорости 0.00010, усредненная из многих расчетов по разным гаплогруппам.

Маркер DYS594:

7 – 1
8 – 2
9 – 4
10 – 3401
11 – 58

В сумме это дает 69 мутации на 3466 аллелей DYS594 за 152 условных поколения до общего предка. Это дает константу скорости мутации, равную 69/3466/152 = 0.00013±0.00002 мутаций на маркер DYS594 за условное поколение. Поправка здесь тоже составляет менее одного процента, поэтому вводить ее не будем. В таблице выше дана константа скорости 0.00017, усредненная из многих расчетов по разным гаплогруппам.

Маркер DYS490:

11 – 4
12 – 3437
13 – 18
14 – 7

В сумме это дает 36 одношаговых мутаций на 3466 аллелей DYS490 за 152 условных поколения до общего предка. Это дает константу скорости мутации, равную 36/3466/152 = 0.00007±0.00001 мутаций на маркер DYS594 за условное поколение. Поправка здесь тоже составляет менее одного процента, поэтому вводить ее не будем. В таблице выше дана константа скорости 0.00007, усредненная из многих расчетов по разным гаплогруппам, то есть точно такая же, как рассчитанная выше.

Маркер DYS492:

11 – 44
12 – 3398
13 – 22
14 – 2

В сумме это дает 70 одношаговых мутаций на 3466 аллелей DYS492 за 152 условных поколения до общего предка. Это дает константу скорости мутации, равную 70/3466/152 = 0.00013±0.00002 мутаций на маркер DYS492 за условное поколение. Поправка здесь тоже составляет менее одного процента. В таблице выше дана константа скорости 0.00015, усредненная из многих расчетов по разным гаплогруппам, то есть в пределах погрешности такая же, как рассчитанная выше.

А теперь приведем несколько примеров того, к чему приводят «быстрые» константы скоростей мутаций. Рассмотрим самую «быструю» – DYS 710, которая входит в 111-маркерную панель. Этот маркер не изучался в экспериментах на примерно 1700 парах отец-сын[73], как и многие другие маркеры. Точнее, там вообще не изучались 24 маркера, в 17 маркеров мутаций не было, в 15 маркерах прошла всего одна мутация, то есть 56 маркеров из 111 оказались непригодными для количественного определения скоростей мутаций. А

[73] Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

поскольку еще в 11 маркерах прошли всего две мутации, то почти две трети всех маркеров оказались непригодными для определения констант скоростей мутаций.

Даже при одной сигма (доверительный интервал плюс-минус 68 %) погрешность в определении скоростей мутаций (точнее, констант скоростей мутаций) составляет ±100 % при одной мутации, и ±71 % при двух мутациях. А попгенетики их используют, в том числе и те маркеры, в которых мутаций вообще не было, при этом умудряясь рассчитать «скорости мутаций» для тех маркеров! В результате, разумеется, опять мусор в академических публикациях. Пример такой работы – исследование 2013 года[74], в авторах которого Chris Tyler-Smith, один из ведущих популяционных генетиков мира, и журнал один из ведущих. Я немедленно написал критическую статью в тот же журнал, и началась типичная для попгенетиков ситуация. Полгода ответа от журнала вообще не было. Я написал напоминание. После этого пришла одна рецензия, совершенно уклончивая, суть которой состояла в том, что несправедливо критиковать исследование, в котором используются мутации, определенные по парам отец-сын, поскольку многие их применяют. Поэтому моя статья быть принята не может. Я написал ответ, выразив возмущение сроками рецензии – более полугода, а также тем, что рецензент всего один, и само замечание неквалифицированное.

Через месяц пришла еще одна рецензия, в которой опять предлагалось снять критику за использование «скоростей мутаций» по парам отец-сын, снять таблицу, в которой показано, что значительная часть маркеров, используемых в работе Tyler-Smith, основывается всего на нескольких мутациях в парах отец сын. Так, по разным цитируемым авторами данным, в маркере DYS643 мутаций вообще не было, в DYS448, и DYS549 прошло всего по одной мутации (в 1213 и 555 парах отец-сын, соответственно), маркерах DYS533 и DYS 438 по две мутации (в 555 и 4565 парах отец-сын, соответственно), и это уже шесть маркеров из 21, используемых в работе, более четверти. Помимо того, в работе использовались печально известные «популяционные скорости Животовского», которые вообще завышали датировки в три раза. Я ответил, что ничего снимать не буду. После этого получил письмо уже от главного редактора с приложением еще одной рецензии. Суть ее была в том, что несправедливо критиковать именно эту статью, и особенно несправедливо по отношению к Tyler-Smith, поскольку то, о чем я пишу, характерно по отношению почти ко всем статьям популяционных генетиков, и почему начинать именно с Tyler-Smith? Поэтому мне предлагалось вообще снять всю критику данной статьи, и написать общую статью по скоростям мутаций в гаплотипах. Я отказался, написав, что сначала пусть они публикуют эту критическую статью, а потом обсудим более общую статью. После этого в течение года редактор мне регулярно напоминал, что они ждут общую статью, но о критической статье не упоминал. Но мне статьи не очень нужны, у меня их более пятисот, и более двадцати книг, поэтому я и не отвечал. Такое отношение к авторам мне не подходит. И после этого попгенетики еще мне высказывают претензии, что я не публикуюсь в журналах по популяционной генетике. Нет уж, меня ангажированные издания не устраивают.

Возвращаемся к «быстрым» скоростям мутаций. В маркере DYS710 в рассмотренном выше списке из 3466 гаплотипов (и, соответственно, аллелях данного маркера) наблюдается следующая картина распределений:

29 – 1 (то есть аллель 29 встречается в 3466 маркерах DYS710 всего один раз)
30 – 21 раз
31 – 49 раз
32 – 93
33 – 427
34 – 808

---

74 Wei, W., Ayub, Q., Xue, Y., Tyler-Smith, C. (2013) A comparison of Y-chromosomal lineage dating using either resequencing or Y-SNP plus Y-STR genotyping. Forensic Science International: Genetics. 7, 568–572.

35 – 1058
36 – 759
37 – 182
38 – 50
39 – 17
40 – 1 раз

Видно, что картина мутаций значительно более «размазанная» по сравнению с медленными константами скоростей. Считая, что все мутации одношаговые, получаем 3594 мутации на 3466 аллелей DYS710 за те же 152 условных поколения, прошедших со времени жизни общего предка этих гаплотипов. Мы видим, как высокие скорости мутаций «размазывают» распределение мутированных аллелей в широком диапазоне. Если при минимальной скорости мутаций в DYS472 сохранились неизменными 3461 предковые аллели в гаплотипах 3466 потомков (константа скорости мутации 0.000008 на условное поколение), и в DYS617 сохранились неизменными 2921 предковые аллели в гаплотипах 3466 потомков (константа скорости мутации на в 63 раза выше, 0.0005 на условное поколение), то в случае самого «быстрого» маркера сохранились всего 1058 предковые (базовые) аллели, и число мутаций равно 3594 вместо 5 в DYS472, то есть в 700 с лишним раз больше. Константа скорости мутации была бы равна 3594/3466/152 (без учета поправки на возвратные мутации), то есть была бы равна примерно 0.0068 мутаций на условное поколение. Но из-за высокой скорости мутаций настолько много, что отношение числа мутированных аллелей к общему числу аллелей превышает единицу (3594/3466 = 1.037), и поправки на возвратные мутации «захлебываются», дают заниженные показатели, и в целом перестают работать. Формальный расчет по формуле, приведенной выше, показывает, что число возвратных мутаций здесь практически равно числу «прямых» мутаций, и полученную величину 0.0055 нужно удвоить. В действительности усредненная контанта скорости мутации этого маркера по разным гаплогруппам равна 0.0073 на условное поколение (25 лет), и она приведена в таблице выше.

Еще пример относительно «быстрого маркера» – это DYS534. В том же списке из 3466 гаплотипов (и, соответственно, аллелях данного маркера) наблюдается следующая картина распределений:
12 – 3 раза
13 – 48
14 – 524
15 – 1574
16 – 1043
17 – 229
18 – 43
19 – 2

Считая, как обычно, что все мутации одношаговые, получаем 2267 мутаций на 3466 аллелей DYS534 за те же 152 условных поколений, прошедших со времени жизни общего предка этих гаплотипов. Мы видим, что по сравнению с самым «быстрым» маркером DYS710 (в котором сохранились всего 1058 предковых (базовых) аллелей, и число мутаций равно было 3594, в случае DYS534 сохранилось 1574 предковых аллелей, и общее число мутаций равно 2267. Давайте посмотрим, что получится в этом случае. Константа скорости мутации, получаемая из экспериментальных данных, равна 2267/3466/152 (без учета поправки на возвратные мутации), то есть равна примерно 0.00430 мутаций на условное поколение. Моделирование дает среднюю константу скорости 0.00315 мутаций на условное поколение по разным гаплогруппам.

Таким образом можно проводить расчет констант скоростей мутаций, используя

большие серии гаплотипов. Но работа на этом не заканчивается, потому что серии гаплотипов могут быть искаженными, включать примеси из других серий, с другим общим предком, включать другие субклады, с другим распределением аллелей по частотам, и так далее. Поэтому получаемые значения констант скоростей мутаций необходимо калибровать по известным документальным генеалогиям, опять желательно по нескольким. Как это делается, мы увидим в следующем разделе.

Вопрос 69: **Насколько константы скоростей мутаций, определенные в разных регионах мира, надежны для проведений расчетов в ДНК-генеалогии? Что такое «калибровка» констант скоростей мутаций?**

Приведу некоторую аналогию – а насколько надежны расчетные скорости (на самом деле – константы скоростей) радиоактивного распада соответствующих веществ? Влияют ли на них регионы планеты, где проводятся измерения? Любой образованный человек ответит – конечно, нет, не влияют. Скорость распада радиоактивных материалов определяется исключительно «внутренними» свойствами вещества, а не внешними воздействиями. Это – фундаментальные показатели. Вот так же должен отвечать каждый образованный человек на соответствующий вопрос о константах скоростей мутаций в гаплотипах. Это – фундаментальные показатели. Никакие регионы, питание, физические упражнения, национальность, гражданство или партийная принадлежность на них не влияют. Естественно, речь здесь идет о нормальных условиях, а не, скажем, в условиях солнечного ядра, или при смертельных уровнях радиации.

Итак, мутации в гаплотипах потомков расходятся от предкового гаплотипа как круги по воде, число мутаций легко рассчитывается, и они подчиняются довольно простым количественным закономерностям. Для кругов на воде, расходящихся от места, куда был брошен камень, легко рассчитать, когда был брошен камень, если знать скорость распространения волны и место нахождения круговой волны в данный момент времени. Чем больше прошло времени – тем дальше круги ушли, тем больше они разошлись. Так и в гаплотипах – чем больше время, прошедшее от общего предка, тем больше мутаций накопилось в гаплотипах его потомков. Число этих мутаций связано с временем, прошедшим от общего предка, с числом гаплотипов в серии, и с константой скорости мутации в гаплотипах, и выражается простой формулой: $n/N = kt$, где n – число мутаций в серии из N гаплотипов, k – константа скорости мутации (в числе мутаций на гаплотип за условное поколение, равное 25 лет), t – число условных поколений, с табличной поправкой на возвратные мутации[75]. На сотнях и тысячах примеров показано, что эта формула работает при любом числе гаплотипов и мутаций в них, и при любом времени, прошедшем от общего предка рассматриваемых гаплотипов. Однако при очень больших временах, более 10–20 тысяч лет, и особенно более 100 тысяч лет, нужно использовать гаплотипы с «медленными» маркерами, то есть с малыми константами скоростей мутаций, и тем самым снижать число мутаций и число возвратных мутаций. По аналогии, вряд ли целесообразно изучать скорости радиоактивного распада элементов со временами полураспада в тысячелетия, используя секундомер. Или пытаться изучать круги на воде за километры от места, куда был брошен камень, для этого нужно значительно более мощное воздействие. Как всегда, нужен конкретный анализ в конкретной ситуации, единых подходов на все случае жизни не бывает. Варианты конкретного анализа в конкретных ситуациях и рассматривает ДНК-генеалогия. Некоторые ситуации и расчеты мы рассмотрим ниже.

Теперь вопрос – насколько надежны величины констант скоростей мутации в

---

[75] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

соответствующих маркерах Y-хромосомы? Они надежны настолько, насколько надежно их определяют, калибруют, проверяют исследователи. Когда это делают популяционные генетики – совершенно ненадежны, они это показали последними двадцатью годами их так называемых «исследований». Они до сих пор так и не знают, какие значения эти константы имеют. Они до сих пор, в академических статьях 2015 года, продолжают использовать «скорости Животовского»[76]. Причем «на полном серьезе» обсуждают, что на временах до 5 тысяч лет эти «скорости» сильно завышают датировки, и вот на временах 40–60 тысяч лет подходят в самый раз. Они так и не поняли, что 23-маркерные гаплотипы на временах 40–60 тысяч лет вообще не применимы, там больше половины столь «быстрых констант скоростей», что они вообще не работают, потому что мечутся как белка в колесе. Это все равно, что секундомером измерять астрономические явления продолжительностью в тысячи и миллионы лет. И попгенетики этого так еще и не поняли!

Иногда принцип датировки «разбега» мутаций в гаплотипах с течением времени называют «принципом молекулярных часов». Смысл в этом есть, но примитивный. Дело не в том, что часы, а в том, чтобы правильно ходили. Любая реакция в химических или биологических системах, описываемая константой скорости первого порядка, есть «обычные молекулярные часы», поскольку связана с хронологией процесса на молекулярном уровне. Динамика любого такого процесса связана с временем согласно формуле c = c0e-kt, где c0 – исходное состояние системы (например, начальное количество или концентрация изучаемого вещества; количество гаплотипов Y-хромосомы в изучаемой выборке, и т. д.), c – состояние системы в определенный момент времени t (где t – время прошедшее с начала реакции, t-to), или количество базовых, то есть исходных гаплотипов в изучаемой выборке в настоящее время, спустя время t, прошедшее со времени жизни общего предка изучаемой серии гаплотипов), k – константа скорости реакции (мутаций, в данном случае). Эту же формулу можно переписать в виде ln(co/c) = kt, и она становится выражением логарифмического метода анализа выборок гаплотипов в ДНК-генеалогии. Берем, скажем, сто или тысячу гаплотипов, или любое другое их число, делим на число базовых (то есть одинаковых, идентичных друг другу гаплотипов, суть предковых гаплотипов, которые не успели мутировать за время t, прошедшее со времени жизни общего предка), берем натуральный логарифм (ln), и получаем произведение kt, то есть константу скорости мутации, помноженную на число лет, прошедшее со времени жизни общего предка, или на число условных поколений, опять же прошедших после общего предка – в зависимости от того, выражали константу скорости в годах, или в поколениях.

Логарифмический метод будет обсуждаться в следующем разделе, а пока обратим внимание, что результаты расчетов в ДНК-генеалогии обычно получаются в виде произведения kt. Это относится и к логарифмическому методу (см. выше), и к так называемому линейному методу, в котором считают число мутаций в серии гаплотипов, происходящих от одного общего предка, и делят их на число гаплотипов и на константу скорости мутаций в гаплотипе.

Отсюда уже видно, что неважно, сколько лет положить на условное поколение – 20, 25, 30, 35 или любое другое число лет, поскольку константа скорости мутации тут же подстроится, они завязаны друг на друга, произведение-то одно. В ДНК-генеалогии, как отмечалось выше, берется 25 лет на условное поколение, и, соответственно, константы скорости мутации приобретают определенные значения, получаемые по калибровке (см. ниже). Например -

для 12-маркерных гаплотипов константа равна 0.02 мутаций на гаплотип на условное поколение,

для 25-маркерных 0.046 мутаций на гаплотип на условное поколение,

---

[76] Karmin, M.…Järve, M.…Tishkoff, S.… Pocheshkhova, E., Sabitov, Z., Yepiskoposyan, L.… Behar, D., Balanovska, E., Derenko, M., Malyarchuk, B., Hammer, M., Balanovsky, O., Tyler-Smith, C., Underhill, P.A., Willerslev, E., Kivisild, T. (2015) Genome Research, doi/10.1101/gr.186684.114.

для 37-маркерных – 0.09,
для 67-маркерных – 0.12,
для 111-маркерных – 0.198 мутаций на гаплотип на условное поколение.

Если это пересчитать в расчете не на гаплотип, а на маркер, то получим соответствующие константы скорости 0.00167, 0.00184, 0.00243, 0.00179, 0.00178 мутаций на маркер на условное поколение. Уже видно, что константы скорости разные для разных гаплотипов, и различаются, например, для 37-маркерных и 12-маркерных гаплотипов в 1.46 раз, то есть на 46 %. А если сравнить с 6-маркерными гаплотипами (константа скорости мутации на гаплотип равна 0.0074, на маркер 0.00123), то диапазон различий в константах в зависимости от длины маркера расходится на уже на 1.98, или на 98 %. Вывод – никак нельзя принимать константы скорости мутации на маркер за постоянные величины, одинаковые для всех гаплотипов, как делают в своих расчетах популяционные генетики. 98 % ошибки в расчетах только за это допущение – цена такого неумного (или неквалифицированного, или некомпетентного) предположения. Иначе говоря, иметь часы – дело нехитрое, но надо, чтобы они были отрегулированы. Это означает, что к ним должны прилагаться корректные константы скоростей мутаций, а корректные величины получаются корректной калибровкой.

Подходим к вопросу о калибровке констант скоростей мутаций.

Данные по калибровке были опубликованы в 2011 году в журнале Advances in Anthropology[77], и недавно изложены в популярном виде на Переформате (http://pereformat.ru/2014/11/dna-calibration/). Суть в том, что были взяты генеалогические данные для 13 семей, удовлетворяющие сформулированным жестким критериям. Эти 13 семей (или «Проектов») были отобраны из сотен других, которые были менее многочисленны или датировки которых были менее достоверны, или гаплотипы были короткими, то есть низкого разрешения.

В указанной статье[78] приведены многочисленные графики для гаплотипов разной протяженности, и каждый график иллюстрировал надежность калибровки, доверительные интервалы и прочее. Статья – редкая по глубине обоснований и достоверности полученных данных, результаты калибровок выверены на 3160 гаплотипах из 55 гаплогрупп и субкладов, из них 2489 гаплотипов были 67-маркерными.

Не будем приводить все калибровочные графики, дадим только калибровочную диаграмму для 37– и 67-маркерных гаплотипов. На рис. 12 на горизонтальной оси – число лет до общего предка каждой из документированных ДНК-генеалогических «семей», на вертикальной оси – среднее число мутаций на маркер (поскольку гаплотипы разные – 37– и 67-маркерные) в гаплотипах, принадлежащих этим семьям.

---

[77] Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34.

[78] Там же

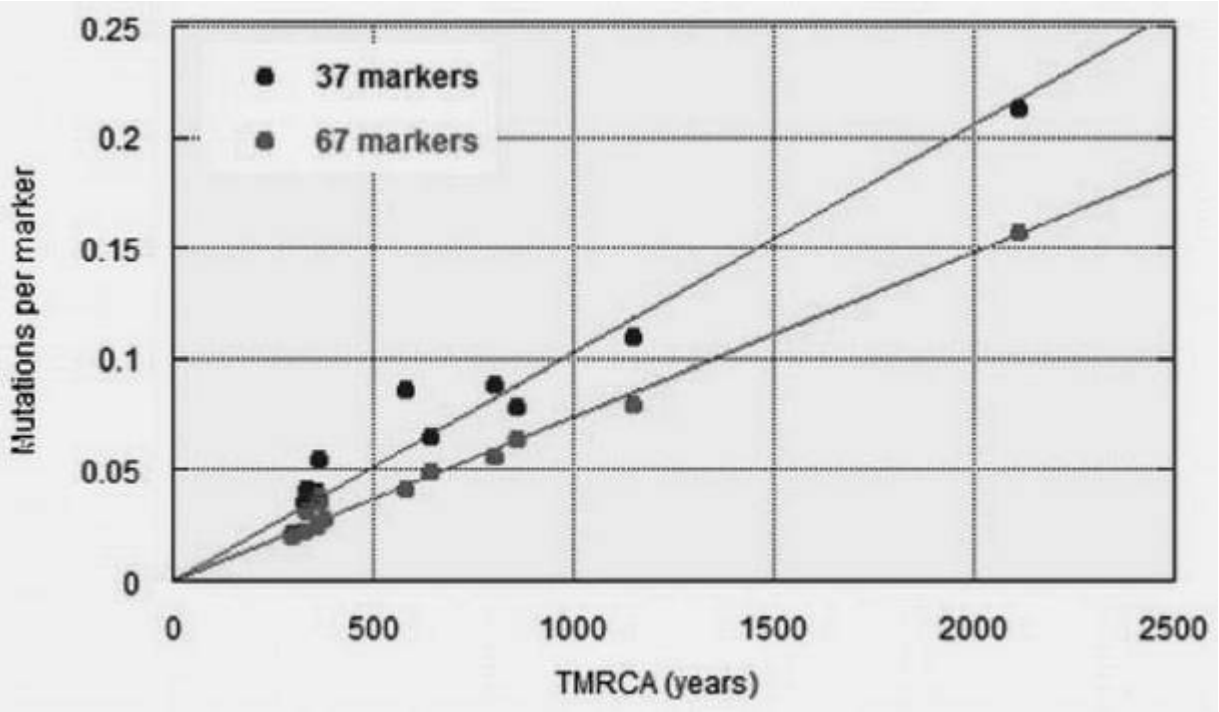


Рис. 12. Калибровочные взаимоотношения между временем, прошедшим от общих предков генеалогических серий гаплотипов в каждой группе («генеалогической семье»), и числом мутаций, накопившхся с того времени, в расчете на маркер в гаплотипах в 37– и 67-маркерном формате. Данные и принцип подхода опубликованы в журнале Advances in Anthropology (2011, Rozhanskii & Klyosov) и приведены в дополненном виде И.Л. Рожанским на Переформате (http://pereformat.ru/2014/11/dna-calibration/).

Видно, что есть четкая линейная зависимость между «возрастом» ДНК-линии и числом мутаций на маркер. Так и должно быть, поскольку мутации в гаплотипах (и маркерах) происходят случайным образом и описываются кинетикой первого порядка. Угол наклона корреляционной прямой для 37-маркерных гаплотипов выше, чем у 67-маркерных, поскольку мутации в 37 маркерах (где большая доля «быстрых» по мутациям маркеров) в совокупности происходят чаще, чем в 67-маркерных (где, напротив, маркеры с 38 до 67-го по порядку содержат высокую долю «медленных» маркеров). Отсюда и получились те константы скоростей мутаций, приведенные выше в данной статье: для 37-маркерных гаплотипов 0.00243 мутаций на маркер (0.09 мутаций на гаплотип) за условное поколение, для 67-маркерных гаплотипов 0.00179 мутаций на маркер (0.12 мутаций на гаплотип) за условное поколение. Для 67-маркерных гаплотипов точность калибровки больше, и соответствует погрешности в определении константы скорости мутаций ±2.5 %[79]. Рассмотрение тех нескольких тысяч гаплотипов, упомянутых выше, из 55 гаплогрупп и субкладов позволило заключить, что использованная калибровка и метод расчета дают точность в определении времени жизни предка с точностью ±10 % или меньше в интервале от 500 до 6000 лет назад.

Вопрос 70: **Могло ли быть так, что мутации в ДНК в одном регионе планеты возникали с большей частотой, чем в другой (скажем, в местах, где радиоактивность была выше или по каким-то климатическим причинам и т. п.)?**

Нет, не могло, если речь идет об обратимых мутациях в гаплотипах.

Часто слово «мутации» люди понимают ограниченно, как поломка чего-то в живых

79 http://pereformat.ru/2014/11/dna-calibration/

организмах под влиянием внешних воздействий, обычно радиации. Но в гаплотипах – это не поломка. Это процесс филигранной перестройки, перемещения блоков нуклеотидов в ДНК. Выше в этой книге был уже приведен пример строения маркера DYS393, в котором четверка нуклеотидов AGAT, то есть аденин-гуанин-аденин-тимин, повторяется определенное количество раз. Например, 13 раз, как у большинства носителей разных гаплогрупп:



и эти повторы обрамляются уже неупорядоченными последовательностями нуклеотидов в ДНК, как показано выше. И вот «мутация» приводит к тому, что вместо 13 раз эта четверка стала повторяться у потомков 12 или 14 раз, в результате однократной ошибки копирующей ДНК-полимеразной системы. Ну как радиация это сможет сделать? В любом случае, этого никто не показал, поэтому и вопроса как такового нет. Мы же не спрашиваем, могут ли на скорость мутации повлиять инопланетяне? Спросим, когда к такому вопросу появятся основания. Пока их нет.

Но выше шла речь в основном о мутациях в гаплотипах, с их филигранными перестройками, с вопроизводимыми константами скоростей. А вот в случае снипов картина может быть значительно более сложной и намного менее воспроизводимой. Там мутации не филигранны, там часто просто «поломки», простые превращения одного нуклеотида в другой, делеции (то есть просто выпадения нуклеотидов, иногда сразу нескольких) и прочие повреждения. Вот там внешняя среда может и влиять на мутации и частоту их появления, просто это пока мало изучено. Возможно, это поставит определенные и немалые ограничения для датировок по снип-мутациям. Иногда это видно даже простым глазом – например, выявляются десяток снип-мутаций там, где должны быть просто одна-две, чтобы было соответствие с уже выявленными закономерностями. Поэтому по снип-мутациям ошибки пока очень велики, возможно, такими и останутся.

Вопрос 71: **Как производят расчет времен до общего предка серии гаплотипов?**

По определению, чтобы рассчитать время до общего предка серии гаплотипов, необходимо, чтобы данная серия происходила от одного общего предка. Другими словами, чтобы **современные носители этих гаплотипов все происходили от одного общего предка, в отношении которого производятся расчеты** . Это, казалось бы, совершенно очевидное правило, игнорировалось популяционными генетиками на протяжении последних 20 лет, то есть практически всегда.

Давайте посмотрим, к чему это приводило и продолжает приводить попгенетиков.

Начиная с 1997 года время от времени выходят статьи израильских (в основном) популяционных генетиков, которые раз за разом утверждают, что они идентифицировали предковый гаплотип прародителя «ветхозаветных первосвященников», коэнов, который по их расчетам по мутациям в гаплотипах жил по разным расчетам между 3000 и 2600 лет назад. Он якобы имел следующий 6-маркерный гаплотип (маркеры DYS19, DYS388, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393), который получил название «модального гаплотипа коэнов» (МГК):

14 16 23 10 11 12

В статье[80] рассматривали 306 гаплотипов евреев из Израиля, Канады и Англии, и нашли 112 вариантов гаплотипов. Из них отобрали те, которые близки к «модальному

[80] Thomas, M.G., Skorecki, K., Ben-Ami, H., Parfitt T., Bradman N., Goldstein D.B. (1998) Origins of Old Testament priests. Nature, 394, 138–140.

гаплотипу коэнов», исключили из рассмотрения DYS388, и в оставленных 5-маркерных гаплотипах нашли, что среднее отклонение их от усеченного МГК равно 0.226 мутаций на маркер. Поскольку авторы принимали, что средняя скорость мутаций в этих 5-маркерных гаплотипах равна 0.0021 на маркер на поколение (продолжительность поколения не была определена), то общий предок всех отобранных гаплотипов жил, по мнению авторов, 0.226/0.0021 = 108 поколений назад. У авторов при этом делении получилось 106 поколений назад, но это уже несущественно. Авторы написали, что если брать 25 лет на поколение, то общий предок жил 106x25 = 2650 лет назад, а если брать 30 лет на поколение, то он жил 3180 лет назад. Можно было бы и не упоминать, но со средней скоростью мутаций на маркер в данных гаплотипах авторы тоже ошиблись, она равна 0.00171, а не 0.0021 мутаций на маркер, и общий предок тогда жил якобы 132 поколения, или 3300 лет назад (при 25 годах на поколение) или 3960 лет назад (при 30 годах на поколение). Действительно, можно было бы не упоминать, потому что основная ошибка авторов не в делениях одного на другое, а в том, что ими постулировалось, что все рассматриваемые гаплотипы происходят от одного общего предка, хотя это оказалось, как мы покажем ниже, не так. Авторы по сути просто усреднили «отклонения величины аллелей от средней», а там были гаплотипы по меньшей мере от двух разных предков, один из которых, самый основной по количеству гаплотипов в выборке, жил всего тысячу лет назад. Никаким «ветхозаветным священником» он не был. Авторы на самом деле рассматривали разные ДНК-генеалогические линии, усредняя их, как берут хрестоматийную «среднюю температуру по больнице». Так работает популяционная генетика.

Следующая статья по гаплотипам евреев[81] могла бы прояснить ситуацию, но для попгенетиков не прояснила. В статье были опубликованы 194 гаплотипа в 6-маркерном формате, из которых 91 гаплотип были идентичны друг другу, и соответствовали «модальному гаплотипу коэнов» (см. выше). Авторам должно было быть ясно, что когда половина гаплотипов представляют собой предковый гаплотип, то предок явно не древний, и не мог жить больше 3 тыс лет назад, раз половина гаплотипов не успела мутировать. Но ясно бывает тогда, когда есть соответствующие знания, «ощущение ситуации». У авторов этого, очевидно, не было. А в другой половине (точнее, в 103 гаплотипах из 194) имелось 263 мутаций от «модального гаплотипа коэнов». Если бездумно разделить общее число мутаций на общее число гаплотипов и на константу скорости мутации 0.0074 на 6-маркерный гаплотип на поколение, 263/194/0.0074, то получим 183 ^224 условных поколений (стрелка показывает поправку на возвратные мутации), или 5600±660 лет до общего предка «гаплотипов коэнов». Это неразумно высокая величина, намного превышающяя времени жизни библейского Аарона по любым библейским интерпретациям, который по толкованию Библии жил примерно 3600 лет назад, но это все «лирика». Проблема в том, что так вести расчеты, постулируя, что гаплотипы происходят от одного общего предка, вообще нельзя. Вот как выглядит ДНК-генеалогическое дерево этих 194 гаплотипов (рис 13.).

На дереве видны многочисленные ветви, в каждой из которых – свой общий предок. Нет и не может быть в такой ситуации некоего «одного общего предка», ветви нужно анализировать раздельно. Как было показано в наших работах, серия идентичных гаплотипов, идущих по кругу выше, имеют общего предка, который жил 1075±130 лет назад («академическая выборка») или 1050±190 лет назад («коммерческая выборка», то есть по коммерческим базам данных), что практически одно и то же, и разница между ними заметно проявляется уже в 67-маркерном формате гаплотипов.

Какой вывод из этого следует? Тот, что **нельзя проводить расчеты по сериям гаплотипов «чохом», без разделения их на ветви.** Нет ничего проще, чем выписать гаплотипы в серию, посчитать в них мутации от чего-то среднего, или от какого-то заранее

---

[81] Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N., Weale, M.E. (2003) Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. Am. Hum. Genet. 73, 768–779.

заданного «предкового» гаплотипа, и разделить число мутаций на число гаплотипов и на скорость мутаций, которая нравится, или почему-то принимается. Какое-то число при этом всегда получится. Но это будет, как правило, мусор, с претензией на «научность». Популяционные генетики заполняют подобным мусором академические журналы на протяжении последних 20 лет. Никакого смысла в этих «расчетах» нет.

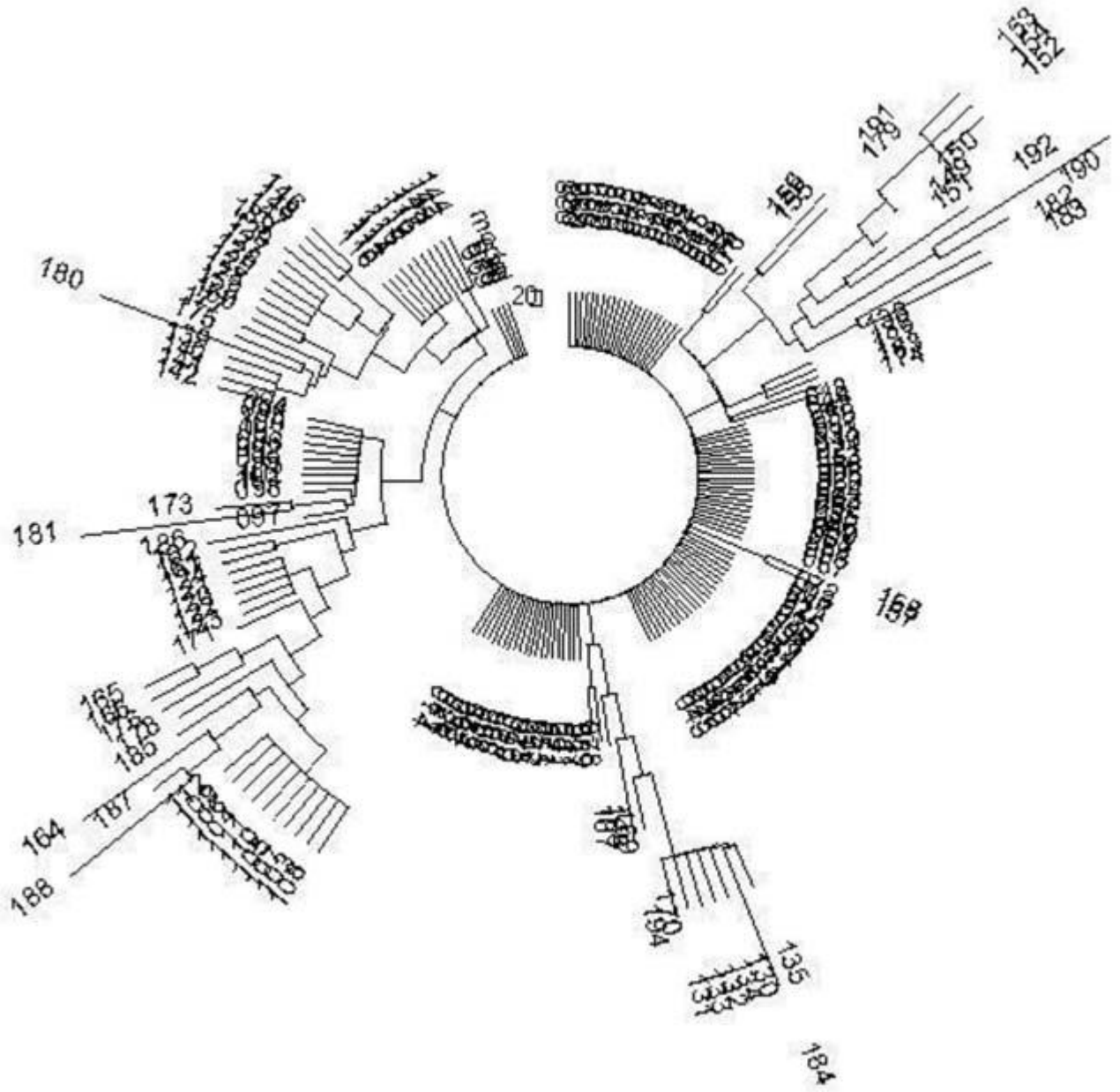


Рис. 13. Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J, построено по данным Behar et al. (2003). В выборке – 194 гаплотипа.

Но как узнать, рассматриваемая серия гаплотипов «однородная», от одного общего предка, или разнородная, от разных общих предков, и дальнейшие расчеты в таком виде бессмысленны? Это – важный, и даже важнейший вопрос, который в ДНК-генеалогии решается двумя путями – графическим и аналитическим. Графический метод – это постройка дерева гаплотипов и его рассмотрение, симметричное ли дерево, или состоит из различных ветвей. Если симметричное (примеры даны ниже), то можно применять простые метода расчета, как линейный или с помощью калькулятора Килина-Клёсова. Если дерево состоит из четко разделяющихся ветвей, как на рис. 13, то расчеты (линейный или калькуляторный) следует проводить по каждой ветви раздельно.

Аналитический метод – это применение логарифмического метода анализа гаплотипов, и полученный результат (число лет до общего предка) сравнивается с результатом линейного расчетного метода, применяемого «чохом», ко всей серии гаплотипов. Если результаты различаются (пример дан ниже), то серия гаплотипов неоднородна, и надо переходить к графическому методу разделения ветвей, как описано выше.

Например, в ситуации с 194 гаплотипами евреев гаплогруппы J (рис. 13), линейный метод («чохом») дает 263/194/0.0074, и получается 5600±660 лет до общего предка «гаплотипов коэнов». Логарифмический метод дает [ln(194/91)/0.0074] = 102 → 114 условных поколений, или 2850±410 лет до общего предка. Результаты совершенно разные, значит, ни тот ни другой метод не подходят. Собственно, это и показывает рис. 13.

Вот этого попгенетики никогда не могли усвоить.

Вопрос 72: **Можно несколько подробнее о линейном методе расчета?**

Как было неоднократно объяснено выше, линейный метод – самый простой при вычислении времени, прошедшего от общего предка данной серии гаплотипов. Поскольку чем больше это время, тем больше мутаций накопилось в гаплотипах потомков общего предка, и мутации в гаплотипах накапливаются в основном неупорядоченно, то к расчетам применима простая формула:

$$n/N = kt,$$

где n – число мутаций в серии гаплотипов, N – число гаплотипов в серии, k – константа скорости мутации, t – время до ближайшего общего предка.

Пояснения: (1) число мутаций считается от базового гаплотипа, который или является предковым, или максимально к нему приближен, насколько позволяет подборка гаплотипов, (2) отношение числа мутаций к числу гаплотипов определяет произведение kt, которое выражается в числе мутаций; как видно, константа в таких формулах всегда связана со временем до общего предка, (3) время до общего предка обычно определяют в условных поколениях протяженностью 25 лет, и тогда константа скорости мутациях определяется в числе мутаций на условное поколение протяженностью в 25 лет. Как видно, извечный вопрос попгенетиков о том, какую протяженность поколения использовать в расчетах, лишен смысла, поскольку какую протяженность мы бы ни брали, она входит в величину константы скорости мутаций, и итоговая величина kt остается той же, равной отношению n/N. А это – независимая переменная, она задается серией гаплотипов, то есть независимой выборкой. «Независимой» здесь означает, что гаплотипы для выборки не подбираются по усмотрению исследователя, они выбираются неупорядоченно.

Пример: имеются 275 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы N1C1. В них суммарно имеются 6270 мутаций. Общий предок жил 6270/275/0.198 = 115 → 130 условных поколения, или 3250±330 лет назад (округленно). Калькулятор Килина-Клёсова дал 3233±326 лет назад.

Поправка на возвратные мутации производится или по специальным таблицам[82], [83], или по формуле, приведенной в этой книге выше[84].

Вопрос 73: **Можно подробнее о квадратичном (пермутационном) методе, и расчете**

---

[82] Клесов, *А.А.* (2008) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хросомому и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том. 1, № 5, стр. 812–835.

[83] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216;

[84] Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

погрешностей при его использовании?

Квадратичный метод, в отличие от линейного, есть в двух основных вариантах – с использованием базового гаплотипа и без ориентации на базовый гаплотип. В первом случае считаются не мутации от базового гаплотипа, а квадраты мутаций. Например, в серии из трех 12-маркерных гаплотипов

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

с базовым гаплотипом

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

и тремя мутациями от базового гаплотипа (выделены), линейный метод дает 3/3/0.02 = 50 → 53 условных поколения, то есть 1325±780 лет до общего предка. Столь большая погрешность вызвана малым числом гаплотипов в серии, причем гаплотипов коротких, и малым числом мутаций. Напомню, что расчет погрешности в данном случае проводится извлечением квадратного корня из трех (мутаций), что дает 1.732, далее его обратной величины (1/1.732 = 0.577), возведением ее в квадрат (0.5772 = 0.333), прибавлением 0.01 (это – квадрат принятой погрешности величины константы скорости мутации, которая принимается равной ±10 %, то есть ±0.1), что дает 0.343, и, наконец, извлечением квадратного корня из последней величины, что дает 0.586 (то есть ±58.6 %). Это и есть величина погрешности определения времени до общего предка при трех мутациях в серии гаплотипов. При величине 1325 лет погрешность равна 1325x0.586, то есть ±780 лет.

Надо сказать, что в описанном (упрощенном) варианте есть много допущений. Допущения есть всегда, в любом варианте расчета погрешностей. Например, в данном случае мы принимаем, что погрешность определения константы скорости мутации в 12-маркерных гаплотипах (ее величина равна 0.02 мутаций на гаплотип на условное поколение) составляет ±10 %. Это – эмпирическая величина, полученная при изучении серии данных документальной генеалогии. Такую же погрешность мы принимаем и в случае 67-маркерных гаплотипов, хотя сопоставление ДНК-генеалогических данных с многочисленными данными документальной генеалогии показало, что реальная погрешность равна ±3 %, и в этом случае в примере выше к величине 0.333 следует прибавлять не 0.01, а 0.0009, и итоговая погрешность получится не ±58.6 %, а 57.8 %, что практически одно и то же. Это получается, потому что при всего трех мутациях именно столь малое их число практически полностью определяет погрешность времени до общего предка серии гаплотипов. Только при большом числе гаплотипов и большом числе мутаций общую погрешность начинает определять погрешность определения константы скорости мутаций. Например, при 1000 мутаций в серии гаплотипов погрешность вычисляется, как описано выше, извлечением квадратного корня из 1000 (мутаций), что дает 31.62, далее его обратной величины (0.0316), возведением ее в квадрат (0.001), прибавлением 0.01 (при 10 % погрешности величины константы скорости мутации), что дает 0.011, и, наконец, извлечением квадратного корня из последней величины, что дает 0.105 (то есть ±10.5 %). Это и есть величина погрешности определения времени до общего предка при 1000 мутациях в серии гаплотипов. При величине 1325 лет погрешность тогда равна 1325±140 лет. А если погрешность константы скорости мутаций равна ±3 %, то к величине 0.001 (после возведения в квадрат) следует прибавить не 0.01, а 0.0009, и итоговая погрешность получится не 10.5 %, а 4.4 %, или 1324±60 лет до общего предка.

Но мы предпочитаем иметь преувеличенную погрешность, чем даже реальную, потому что это повышает доверие к получаемым результатам. Бывает, что число мутаций в реальных генеалогиях по разным причинам оказывается заниженным или завышенным по сравнению

со средними величинами, и расчетная величина вылетает за пределы указанных погрешностей, вызывая недоверие и претензии к расчетам. Пусть лучше мы перестрахуемся и дадим завышенные погрешности.

Возвращаемся к квадратичным методам расчетов. В данном случае базовый гаплотип не рассматривается, и производится расчет разницы в аллелях «всех между всеми». В случае приведенных выше трех 12-маркерных гаплотипов с тремя мутациями сумма квадратов их попарных отклонений друг от друга (в мутированных маркерах) равна 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 = 12, деленная на 2, поскольку в каждом маркере число квадратов мутаций считалось дважды, деленное на число маркеров в гаплотипе (12) и на квадрат числа гаплотипов (9), и, наконец, на величину константы скорости мутации на маркер для 12-маркерных гаплотипов (0.00167). Получаем 12/2/12/9/0.00167 = 33 условных поколений, то есть 825±480 лет до общего предка. В квадратичных методах расчетов поправка на возвратные мутации не вводится, она уже учтена самим методом расчета.

Как видим, мы имеем некоторую проблему. Линейный метод показал для этих трех гаплотипов с тремя мутациями 1325±780 лет до общего предка, квадратичный метод – 825±480 лет до общего предка. В принципе, обе величины находятся в пределах погрешности расчетов, но утешение от этого малое. Причина проста – три мутации на трех гаплотипах – это не статистика. Методы, описанные выше, базируются на статистическом распределении аллелей и мутаций в гаплотипах. Аналогия – если вы бросите монету три раза, или четыре для четности, то вероятность получения 50 %-ного выпадения орла и решки будет малой. Давайте попробуем для иллюстрации. Буду использовать компьютерные «броски» для объективности. Итак,

– первая четверка бросков, все четыре орла
– вторая попытка, решка и три орла
– третья попытка, решка и три орла
– четвертая попытка, три решки и орел
– пятая попытка, решка и три орла
– шестая попытка, две решки и два орла
– седьмая попытка, три решки и орел
– восьмая попытка, две решки и два орла
– девятая попытка, три решки и орел
– десятая попытка, решка и три орла

Результат налицо – из десятка попыток по четыре броска, только два раза выпали две решки и два орла. В целом же из сорока бросков 17 раз выпала решка, и 23 раза орел. Ну как, будем считать вероятность выпадания того или другого? Или здравый смысл остановит такие расчеты? Кстати, с доверительным интервалом в две сигма (95 %) решка и орел выпадут из сорока бросков 20±6 раз для решки, и 20±6 раз для орла, так что никакого противоречия у нашего опыта со статистикой нет. А из четырех бросков получится 2±2 для решки и 2±2 раза для орла. Тоже все в порядке, никаких неожиданностей.

А люди берут три-четыре коротких гаплотипа, а то и два, и удивляются, почему результаты «бегают по всему полю».

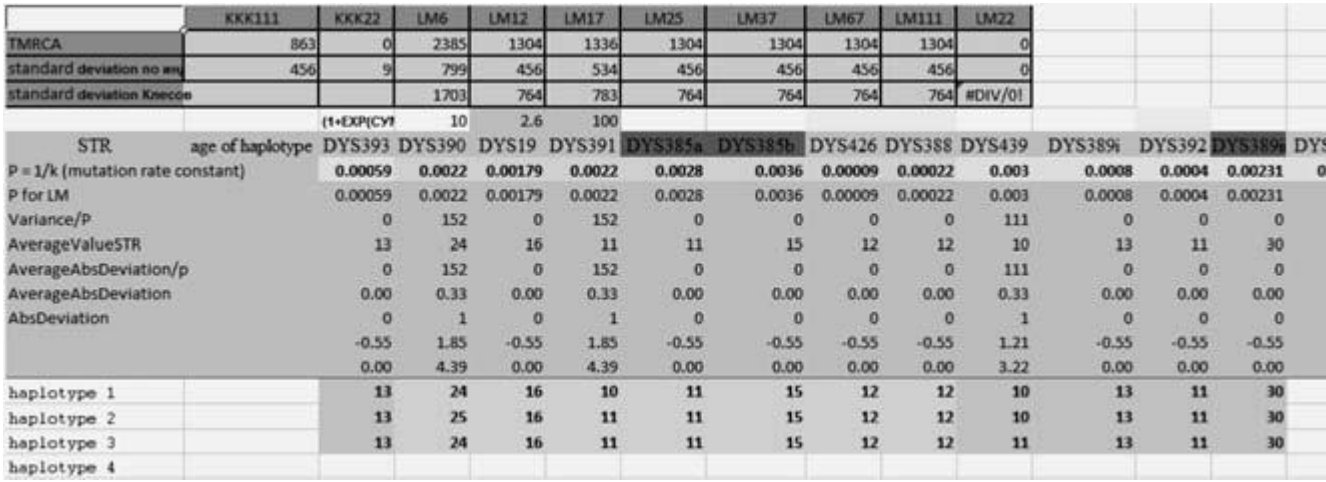
Вопрос 74: **Автоматический калькулятор Килина-Клёсова**

Давайте теперь проверим, какой результат ближе к реальности в случае трех коротких гаплотипов, рассмотренных выше – расчет по линейному методу (1325±780 лет до общего предка) или квадратичному (825±480 лет до общего предка). Кликаем на линк, ведущий к калькулятору Килина-Клёсова[85] на сайте http://dna-academy.ru/kilm-klyosov/, вводим все три серии аллелей под соответствующими маркерами, и через долю секунды получаем результат

[85] Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

– 1304±764 лет до общего предка линейным методом и 863±456 лет – квадратичным.

Мы видим, что при столь малом числе гаплотипов и мутаций датировки нестабильны. Но в такой ситуации я бы рекомендовал склоняться к линейному методу, поскольку расчет по трем аллелям, пусть и для 12 маркеров, вряд ли является удовлетворительным. Но еще лучше – просто давать обе датировки, поясняя, какая получена каким методом.



	KKK111	KKK22	LM6	LM12	LM17	LM25	LM37	LM67	LM111	LM22
TMRCA	863	0	2385	1304	1336	1304	1304	1304	1304	0
standard deviation no eq	456	9	799	456	534	456	456	456	456	0
standard deviation Knecce			1703	764	783	764	764	764	764	#DIV/0!
		(1+EXP(CY!	10	2.6	100					
STR	age of haplotype	DYS393	DYS390	DYS19	DYS391	DYS385a	DYS385b	DYS426	DYS388	DYS439
P = 1/k (mutation rate constant)		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022	0.003
P for LM		0.00059	0.0022	0.00179	0.0022	0.0028	0.0036	0.00009	0.00022	0.003
Variance/P		0	152	0	152	0	0	0	0	111
AverageValueSTR		13	24	16	11	11	15	12	12	10
AverageAbsDeviation/p		0	152	0	152	0	0	0	0	111
AverageAbsDeviation		0.00	0.33	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00	0.00	0.33
AbsDeviation		0	1	0	1	0	0	0	0	1
		-0.55	1.85	-0.55	1.85	-0.55	-0.55	-0.55	-0.55	1.21
		0.00	4.39	0.00	4.39	0.00	0.00	0.00	0.00	3.22
haplotype 1		13	24	16	10	11	15	12	12	10
haplotype 2		13	25	16	11	11	15	12	12	10
haplotype 3		13	24	16	11	11	15	12	12	11
haplotype 4										

DYS389i	DYS392	DYS389ii	DYS										
0.0008	0.0004	0.00231	0										
0.0008	0.0004	0.00231											
0	0	0											
13	11	30											
0	0	0											
0.00	0.00	0.00											
0	0	0											
-0.55	-0.55	-0.55											
0.00	0.00	0.00											
13	11	30											
13	11	30											
13	11	30											

Рис. 14. Расчет времени до общего предка для демонстрационной серии из трех гаплотипов в 12-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Соответствующие колонки показывают 1304±764 лет до общего предка для линейного метода, и 863±456 лет для квадратичного метода, что, впрочем, совпадает в пределах погрешности расчетов. Остальными колонками следует пренебречь.

Как работает калькулятор Килина-Клёсова? Он многофункциональный, и здесь нет возможности объяснять все его функции, кроме основной – быстро производить расчеты по гаплотипам от любых коротких (вплоть до единичных, отдельных маркеров) до 111-маркерных, в количествах до 10 тысяч гаплотипов. Калькулятор моментально, в ходе расчетов, определяет степень диперсии аллелей по каждому маркеру, и показывает ее количественную величину. Можно выставлять пороговую величину степени дисперсии, тогда калькулятор выбрасывает соответствующие маркеры из расчетов. Это особенно полезно, когда серия гаплотипов содержит включения посторонних гаплотипов, или нижестоящих субкладов, у которых некоторые маркеры имеют другие значения, чем у основной серии. Например, в серии гаплотипов гаплогруппы R1a значение маркера DYS392 обычно имеет величину 11, а в отдельной ветви «Старая европейская ветвь» это значение равно в основном (или исключительно) 13. Калькулятор «знает», что маркер DYS392 настолько «медленный» (константа скорости мутации равна 0.0004 мутаций на маркер на условное поколение), что, например, для тысячи гаплотипов в среднем должно наблюдаться примерно 40 мутаций за сто условных поколений, потому что 40/1000/0.0004 =100 условных поколений. При увеличении количества аллелей DYS393=13 в серии гаплотипов, дисперсия возрастает и в итоге превышает граничную величину 2.6, обычно используемую при расчетах. При величине 2.61 маркер блокируется, оставляя все остальные – незаблокированные – функциональными. Если в рассматриваемой серии гаплотипов блокируются сразу несколько маркеров, то это указание на то, что что-то с выборкой не так.

Поправка на возвратные мутации в калькуляторе не вводится, она уже заложена в самом калькуляторе, как для линейного метода, так и квадратичного. Калькулятор на 111 маркеров может использоваться для расчетов гаплотипов в любом формате, включая 67-маркерные, но для удобства нами создана серия калькуляторов для 17-маркерных и для самых медленных, 22-маркерных гаплотипов.

Калькулятор может быть использован для комбинаций серий гаплотипов для любых форматов. Это возможно потому, что в квадратичном методе он считает «по вертикали», по

маркерам, а в линейном – «по горизонтали», по гаплотипам.

Вопрос 75: **Поясните, пожалуйста, суть логарифмического метода в ДНК-генеалогии.**

Логарифмический метод – самый простой в исполнении. Несколько примеров расчетов логарифмическим методом были даны выше. Суть его заключается в том, что для серии гаплотипов берется отношение общего числа гаплотипов в серии к числу идентичных (базовых) гаплотипов в той же серии, далее берется натуральный логарифм этого отношения, и делится на константу скорости мутации в данном гаплотипе. После этого вводится поправка на возвратные мутации, поскольку они возвращают мутированные гаплотипы обратно в исходные немутированные, и тем самым занижают датировку времени жизни общего предка. Поправка на возвратные мутации рссчитывается исходя из числа базовых гаплотипов в серии.

Чем больше по численности серия гаплотипов, происходящих от одного предка, тем расчет времени до этого предка точнее. И тем больше экономия времени при расчетах, поскольку логарифмический метод не требует подсчета числа мутаций в гаплотипах. Например, если серия из сотни гаплотипов, скажем, 37-маркерных, содержит четыре одинаковых (то есть базовых) гаплотипа, то даже и без подсчета мутаций в гаплотипах можно сразу сказать, что общий предок этих ста гаплотипов жил 925±105 лет назад, потому что натуральный логарифм отношения 100/4, поделенный на константу скорости мутации для 37-маркерных гаплотипов (0.09 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет) равен 36 → 37 условных поколений, то есть общий предок этой сотни гаплотипов жил примерно 925 лет назад. Поскольку для четырех базовых гаплотипов погрешность расчетов составляет ±51 % (как это расчитывается – приводилось выше на примере четырех мутаций в серии гаплотипов), то общий предок для данной серии из ста гаплотипов жил 925±470 лет назад. Но, как уже обсуждалось выше, в любом случае, в том числе и в искаженных, неоднородных сериях, почти всегда можно найти одинаковые гаплотипы, и деление общего числа гаплотипов на случайное количество одинаковых гаплотипов всегда даст какое-то число, часто не имеющее отношения к числу лет или поколений до общего предка. Поэтому необходим критерий, что расчетные величины времен до общего предка действительно имеют смысл, и что серия гаплотипов действительно происходит от одного общего предка.

Этим критерием является совпадение (в пределах погрешности расчетов) времени до общего предка, рассчитанное как линейным (или квадратичным), так и логарифмическим методами. Например, если число мутаций во всех ста 37-маркерных гаплотипах будет равно, например, 324 (или близко к тому), тогда 324/100/0.09 = 36 → 37 условных поколений, то есть ровно тот же промежуток времени до общего предка. Совпадение времен до общего предка для «логарифмического» и «линейного» метода (в первом мутации не считаются, во втором считаются) свидетельствует, что закономерности образования мутаций в гаплотипах следуют кинетике первого порядка, что в свою очередь означает, что все сто гаплотипов действительно произошли от одного прямого общего предка. Популяционная генетика такими подходами не пользуется, они ей чужды по ряду причин, как обсуждалось выше.

Вопрос 76: **На каком основании некоторые популяционные генетики критикуют логарифмический метод?**

Во-первых, это не «некоторые популяционные генетики», а один Балановский. Во-вторых, это не «критика», а смех один. Характерно, что он, при полном, как правило, отсутствии культуры расчетов, нападает не только на логарифмический метод, но и на всё остальное в ДНК-генеалогии. Забавно наблюдать эту выраженную ущербность «нападающего». Вот, например, цитата из моей недавней статьи на Переформате[86]: *«В ДНК-*

[86] Коллизия популяционной генетики и ДНК-генеалогии (часть 1). http://pereformat.ru/2014/12/ dnk-genealogiya/

генеалогии есть логарифмический метод… И он вовсе не «неточный», как безграмотно заявил О. Балановский, в очередной раз показав свою некомпетентность. Неточным любой метод бывает тогда, когда используется неправильно. Неточным будет микроскоп, если его использовать для рассматривания звезд. На то есть телескоп, или хотя бы подзорная труба.

Чем больше по численности серия гаплотипов, происходящих от одного предка, тем расчет времени жизни этого предка точнее. И тем больше экономия времени при расчетах, поскольку логарифмический метод не требует подсчета числа мутаций в гаплотипах. Например, из 3466 12-маркерных гаплотипов субклада R1b-L21 249 гаплотипов являются базовыми, то есть идентичными друг другу. Это дает [ln(3466/249)]/0.02 = 132 → 152 условных поколений, или 3800±450 лет до общего предка. Расчет по мутациям для этой же серии гаплотипов 3841±384 лет по 67-маркерным гаплотипам и 3810±381 лет по 111-маркерным гаплотипам. Разницы между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета практически нет, на уровне сотых долей процента, хотя погрешность расчетов ее увеличивает.

Ну, и где здесь «неточный» логарифмический метод? И это говорит тот, ошибки у которого в расчетах датировок систематически равны как минимум 250–350 %».

Уж как Балановскому не нравится логарифмический метод! Он уже стал для Балановского идеей-фикс. Недавно Балановский объявил, что метод настолько «неточный», что я от него сам отказался… Казалось бы, откуда такая зацикленность на методе, который к нему, Балановскому, никакого отношения не имеет? Который он никогда не применял, видимо, потому, что не знает, что такое логарифм. А ответ прост – это злоба середнячка на что угодно новое, оригинальное, прогрессивное.

Еще цитата на ту же тему: Балановский объявил, что *«технические методы «ДНК-генеалогии» вовсе не оригинальны, представляя собой обычный метод молекулярных часов с рядом простейших модификаций…С его точки зрения, технические аспекты «ДНК-генеалогии» являются «малоэффективными, но приемлемыми»…* ».

«С «молекулярными часами» мы уже разобрались. На что ни пойдет безграмотный человек, чтобы дискредитировать грамотного… пустится во все тяжкие, включая и свой позор на публике. Так что же такое «ряд простейших модификаций»? Введение впервые в оборот серии констант скоростей мутаций, нигде и никогда раньше не публиковавшихся? Введение в оборот логарифмического метода, совершенно незнакомого ранее попгенетикам? Введение в оборот поправок на возвратные мутации, о которых попгенетики говорили, но никто и никогда не рассчитывал и не применял? Введение в оборот калибровок констант скоростей мутаций?

Не знаю как для кого, а для меня ясно, что О. Балановский, будучи «на автопилоте» желания дискредитировать, себя уже не контролировал. Он что-то произносил, главное, чтобы было негативное, но смысла сам не понимал. Это – не наука, это и есть лженаука в исполнении О. Балановского, как и другого доктора, Е. Балановской.

Самое забавное в том, что этот незнайка, применяя «методы» популяционной генетики и ошибаясь на сотни процентов в датировках, заявляет, что «технические аспекты «ДНК-генеалогии» являются «малоэффективными, но приемлемыми»…». «Малоэффективные» произнесено на том же автопилоте, в том же раже дискредитировать. Если бы его спросили расшифровать понятие «малоэффективные», он бы не нашел, что ответить. Ни одного примера привести бы не смог. За «приемлемые» – отдельное спасибо, мой сарказм заметен?»

На конференции в РАН в ноябре 2014 года О. Балановский показал следущий слайд:



Я привел его на Переформате[87] и прокомментировал: *«Это какие же «многие методы датировок» известны в популяционной генетике? Что такое «неоптимальная логарифмическая формула»? Что за «калибровка, совпавшая с уже известной»? Опять сплошная ложь. Возможно (и определенно) полная некомпетенция, безграмотность. Ранее я показывал, что за «методы датировок» используют в попгенетике, и к чем это приводит. К мусору, которым заполняют журналы…»*

Давайте напрямую. Никаких «многих методов» в популяционной генетике нет. Иначе бы не выбрали печально известный «популяционный метод», который системно дает завышения датировок на 300–350 %, и который с 2004 года узаконен в академических журналах популяционной генетики и применять который продолжают требовать рецензенты. «Неоптимальная» логарифмическая формула – это основное уравнение химической кинетики для процессов первого порядка, которое адаптировано к расчетам кинетики мутаций в гаплотипах, включая поправку на возвратные мутации. «Калибровки, совпавшей с уже известной» просто нет, это просто выдумано, просто для пустого негатива.

Остается с жалостью наблюдать, как Балановские выдумывают все что угодно, лишь бы «дискредитировать», как им представляется, новые подходы, им до того неведомые.

Балановским вторит некто «Алекс» в дискуссии на «Троицком варианте»[88]: *«почему «линейный» и «логарифмический» методы названы независимыми? И общее число мутаций, и число немутировавших гаплотипов определяются временем и скоростью мутирования, так что вычисленное по ним время не может не быть одинаковым* ».

Я ответил: «То, что «вычисленное по ним время не может не быть одинаковым» – принципиальное непонимание того, что серии гаплотипов очень часто представляют собой смеси разного происхождения. Собрали в некоем регионе пару сотен гаплотипов, а откуда известно, что они от одного общего предка? Без этого «расчет времени до ближайшего общего предка» не имеет смысла, хотя представляется заманчивым просто посчитать у всех число мутаций и разделить на число гаплотипов. Какое-то число всегда получится. А вот если применить упомянутые два расчетных подхода, то они часто дают разные величины. Это и означает, что смесь гаплотипов «неоднородна», картина мутаций не подчиняется закономерностям кинетики первого порядка. Только если оба метода дали одинаковые результаты (в пределах погрешности расчетов), то результат верен.

---

[87] Мать и дитя, или школа пустого злословия. http://pereformat.ru/2014/12/balanovskie/

[88] См. ниже, раздел «Выдержки из дискуссии».

Аналогия – попытка рассчитать «время полураспада» смеси разных радиоактивных материалов. Система не будет описываться кинетикой первого порядка (кроме совсем уж специальных случаев, когда у всех материалов одно и то же время полураспада).

Как часто бывает, люди безграмотные, типа Балановского или «Алекса», генерируют общий негативный шум, причем совершенно неконструктивный. Никто из них не сообщил, как надо рассчитывать, и почему логарифмический метод «неоптимальный». Что такое вообще «оптимальный»? Может, Балановский сообщит, даст пример «оптимального»? Понятно, что нет, он в подобных расчетах совершенно тёмный человек. Но ужас как хочется «критиковать», «подвергать сомнению», авось, кто нибудь, столь же темный, клюнет. Нет ничего более далекого от науки, хотя Балановский к науке имеет совершенно косвенное отношение. Это, скорее, лаборант от науки, как и Е. Балановская. Никакой научной критики от них никогда не было, были только общие инсинуации, к науке не имеющие отношения. Например, Е. Балановская с трибуны той же ноябрьской конференции в РАН оповестила: *«Клёсов эксплуатирует собранную генетиками информацию, обрабатывает её неизвестными методами и получает красивые результаты на потребу публике».* Так все-таки неизвестными методами, или «известными в популяционной генетике»? Мать и дитя Балановские уже настолько изолгались, что сами себе противоречат. Если действительно «неизвестными методами», и попгенетики настолько беспомощны в корректной и информативной обработке собранных ими гаплотипов, то надо заменить их некомпетентность и неумение на полученные корректными методами «красивые результаты», тут Балановская не ошиблась. А что до «неизвестных методов», то учиться надо. И придется учиться, деваться просто некуда. А уж «на потребу публике» – это ложь Балановской от беспомощности и отчаяния, от своей некомпетентности. Красивые результаты – это правильные результаты, что еще физики давно подметили.

Почему попгенетики переполошились в отношении логарифмического метода датировок общих предков выборок гаплотипов?

Забавно наблюдать переполох в стане попгенетиков, который (переполох) у них вызвал логарифмический метод. Давате рассмотрим причины этого явления, но так, чтобы это продвинуло наши знания. Характерно, что попгенетики своей «критикой» знания не продвигают, у них обычно голый и непродуктивный негативизм. Мы уже отметили выше безграмотные и неконструктивные высказывания Балановского, что логарифмический метод, по его мнению, «неоптимальный», и некого «Алекса», что этот метод ничего не дает, поскольку он, как и все остальные, определяется «временем и скоростью мутирования», а, значит, ничего нового. Опять безграмотность зашкаливает. По этой логике, любые методы и расчетный аппарат химической кинетики ничего нового не дают, поскольку все они определяются временем и скоростями реакций. Представляете «глубину» вот такого высказывания? И генетика по этой логике ничего не дает, там вообще всего четырьмя нуклеотидами все определяется. Узнал, какими, и вся генетика уже как на ладони, ничего нового. И вот так, такими «специалистами», проводилась вся дискусия на «Троицком варианте».

Вопрос – откуда такое нестерпимое желание дискредитировать новые методы и их авторов? Ведь действительно забавно это наблюдать.

Прежде чем ответить на этот вопрос, рассмотрим, в чем состоит новизна и полезность логарифмического метода при анализе скоростей мутаций и расчетов времен жизни до общего предка выборок гаплотипов. Сразу скажем, что ничего подобного в попгенетике не было. Никто логарифмические методы в расчетах до последнего времени, до моих публикаций в 2009 году, не применял. Так что вопрос о новизне в применении к мутациям в гаплотипах решается просто и однозначно.

Теперь посмотрим, откуда этот метод появился. По сути, это хорошо известный подход в химической кинетике, описывающий кинетику первого порядка, правда, мутации в гаплотипах привнесли некоторые особенности. Никто не делает в химкинетике поправки на

возвратные мутации, потому что процессы, описываемые кинетикой первого порядка, обычно являются необратимыми процессами, и описываются константой скорости первого порядка, в том числе и тогда, когда включают элементы обратимости. Просто в последнем случае реакция доходит не до конца, по типу A → B, а до некоего равновесного процесса, при котором в системе «уравновешиваются» остатки химического соединения A и продукта его превращения B. Задачи обычно состоят в расчете константы скорости первого порядка, либо «элементарной», либо «кажущейся».

В ДНК-генеалогии ставится другая задача, а именно исходя из картины мутаций в серии гаплотипов, найти время, когда жил общий предок этой серии гаплотипов, которую имеют потомки. Там есть возвратные мутации, искажающие картину, и занижающие время до общего предка, поэтому там надо не рассчитать константу скорости мутации, она уже известна из других опытов, а найти время до общего предка, скорректированное на обратные мутации, причем корректировка зависит от того, когда жил общий предок выборки. Наверняка можно придумать аналогичную систему и в химической кинетике, но так вопрос обычно не ставится.

Тогда почему такая возня со стороны попгенетиков, с выраженным желанием отрицать значимость метода? Метод же очень удобный, для больших серий гаплотипов (где подсчет мутаций наиболее трудоемкий) задача решается буквально за минуту-две, вместо многих часов, а то и дней, на подсчеты тысяч мутаций, и что важно, он дает новый критерий однородности системы гаплотипов и, следовательно, корректности расчетов времени жизни общего предка. Предствляете, сколько нужно времени для подсчета числа мутаций в серии из 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате, то есть в наборе из 384 726 аллелей, со временем жизни общего предка 3800 лет назад? Там – 92 120 мутаций. А логарифмическим методом – несколько минут. Берется файл в Excel, и используя известную функцию компьютера, аллели сортируются, выбирая только базовые гаплотипы. Это делается буквально в несколько касаний.

Иначе говоря, польза логарифмического метода в ДНК-генеалогии не только очевидна, она без преувеличений огромна. Так почему попгенетики так дергаются, изливая негативные комментарии? «Элементарно, доктор Ватсон». Одна причина – потому что попгенетики за двадцать лет так и не создали разумного метода расчетов времен жизни общих предков. Их результаты либо полностью неверны, либо кардинально противоречат друг другу. Приложения новых методов ДНК-генеалогии тут же покажет, что они всегда генерировали мусор. Статьи придется фактически дезавуировать, а за ними стоят гранты, диссертации…

Другая причина – банальная ревность, раздражение тем, что они так и не знают, как считать, а здесь «сторонний» специалист задачу решил. Ату его! И начинается – «лже-генетик» там, где никакой генетики нет, «провал ДНК-генеалогии в РАН», когда все наоборот – аплодисменты ДНК-генеалогии, а попгенетиков выгоняют из зала заседаний. После этого и их ставленники, типа некой «журналистки» Маркиной, строчат лживые пасквили в электронные СМИ, переворачивая там все с ног на голову. Об этом – ниже в этой книге.

Показательным в отношении логарифмического метода явилась форменная истерика на «дискуссии» в «Троицком варианте», которую начала Балановская, подписав свой авторский пасквиль, и продолжил Балановский. Там – больше десятка комментариев только о логарифмическом методе.

Взглянем на них, и поясним, к чему предъявляют претензии попгенетики и их приятели.

Начал претензии Балановский: *«И уж простейший кинетикой первого порядка тут и не пахнет, порядок был бы скорее пятидесятый. А если речь идет просто о логарифмической формуле, которую Клесов взял из хим. кинетики и перенес в свою ДНК-генеалогию, то она позаимствована из формулы радиоактивного распада. Получается, в миграциях народов лучше всех должны разбираться ядерщики?*

Можно спорить здесь только о том, чего больше в этом «комментарии» – откровенной

глупости или полной безграмотности. Балановский, оказывается, так и не понимает, что мутации в гаплотипах и маркерах подчиняются именно кинетике первого порядка, в отношении «пятидесятого» тут уже буйное помешательство. Когда сами же попгенетики применяют печально известную «скорость Животовского», и делят число мутаций на число маркеров и на «популяционную скорость мутации» 0.00069, получая совершенно искаженное «время до общего предка», это тоже есть выражение кинетики первого порядка. Возможно, они (как и профессор Животовский), следуя известному герою пьесы Мольера, не подозревают, что говорят прозой, то есть отражением кинетики первого порядка.

Далее, нет никакой «формулы радиоактивного распада», если не считать «формулой» описание химического (или физического) превращения в ходе радиоактивного распада. Если же речи идет о кинетике первого порядка, то ни из какого «радиоактивного распада» она не «позаимствована». Кинетикой первого порядка описываются сотни и тысячи процессов, в том числе и процессы радиоактивного распада, только никаких аналогов «возвратных мутаций» при радиоактивном распаде нет. Они – необратимы. А уж последняя фраза, про «ядерщиков» – верх глупости. Хотя бы потому, что к миграциям народов кинетика первого порядка сама по себе никакого отношения не имеет. В народе это называется «Остапа несло». У Балановского – это «несло» привело к словесному недержанию в острой форме.

Далее – опять Балановский, про меня: «… *излагает свой прием проверки того, можно ли рассчитывать возраст данного набора гаплотипов, используя логарифмическую формулу. Подход (сравнение результатов логарифмического и линейного методов) весьма топорен, формально он математически необоснован, но по сути вполне допустим.*

Другое дело, что пользы от него немного. Он показывает, в каких случаях можно применять логарифмическую формулу. Но применять ее незачем. Валерий уже описывал подробно, что эта формула ничем не лучше стандартной «линейной».

И что же «топорного» в сравнении результатов логарифмического и линейного методов? Они приведены и сравнены выше, совпадение практически полное. Что здесь «математически необосновано»? И это говорит человек, который столько статей заполнил мусором в отношении расчетов, который датировку для субклада R1a-M458 вместо правильных 4200±350 лет назад (http://pereformat.ru/2015/03/veneti-2/) или 4500±800 лет назад (данные YFull, http://www.yfull.com/tree/R1a/), опубликовал как 10712±3914 лет назад – кстати, обратите внимание на бессмысленную точность «возраста» субклада при огромной погрешности[89], и это – окончательная датировка, которая пошла в статью. Ну, не лаборант ли он по стилю и по духу?

Математическое обоснование сопоставления логарифмического и линейного методов расчета я давал в научной печати много раз. Любая реакция в химических или биологических системах, описываемая константой скорости первого порядка, есть «обычные молекулярные часы», поскольку связана с хронологией процесса на молекулярном уровне. Динамика любого такого процесса связана с временем согласно формуле $c = co e^{-kt}$, где co – исходное состояние системы (например, начальное количество или концентрация изучаемого вещества; количество гаплотипов Y-хромосомы в изучаемой выборке, и т. д.), c – состояние системы в определенный момент времени t (где t – время прошедшее с начала реакции, t-to), или количество базовых, то есть исходных гаплотипов в изучаемой выборке в настоящее время, спустя время t, прошедшее со времени жизни общего предка изучаемой серии гаплотипов), к – константа скорости реакции (мутаций, в данном случае). Эту же формулу можно переписать в виде $\ln(co/c) = kt$, и она становится выражением логарифмического

[89] Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C.-E.T, Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Järve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A, Mehdi S.Q., Sanghamitra S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Dubravka Havas A., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human Genetics, 18, 479–484.

метода анализа выборок гаплотипов в ДНК-генеалогии. Берем, скажем, сто или тысячу гаплотипов, или любое другое их число, делим на число базовых (то есть одинаковых, идентичных друг другу гаплотипов, суть предковых гаплотипов, которые не успели мутировать за время t, прошедшее со времени жизни общего предка), берем натуральный логарифм (ln), и получаем произведение kt, то есть константу скорости мутации, помноженную на число лет, прошедшее со времени жизни общего предка, или на число условных поколений, опять же прошедших после общего предка – в зависимости от того, выражали константу скорости в годах, или в поколениях.

Иначе говоря, и линейный, и логарифмический метод определяют время, прошедшее со времени жизни общего предка анализируемой выборки гаплотипов. Но Балановский даже простую математику не воспринимает, или просто прикидывается. Задача его ясна – «ниспровержение» любой ценой. Даже «ниспровержение» абсурдное, показывающая его собственную некомпетентность.

Продолжаем цитировать откровения Балановского: *Подход (сравнение результатов логарифмического и линейного методов)… пользы от него немного. Он показывает, в каких случаях можно применять логарифмическую формулу. Но применять ее незачем. Валерий уже описывал подробно, что эта формула ничем не лучше стандартной «линейной».*

Опять патологическое невосприятие науки Балановским. Сравнение результатов логарифмического и линейного методов показывает не только, «в *каких случаях можно применять логарифмическую формулу».* Он совершенно симметрично показывает, в каких случаях можно применять линейный метод. Как рассказывалось выше, если результаты линейного и логарифмического метода заметно различаются, то кинетика накопления мутаций в выборке не подчиняется закономерностям первого порядка, и выборка гаплотипов «кривая». У нее несколько общих предков, и расчет в предположении только одного ведет к принципиально неверным результатам. Поэтому то, что «Валерий» Запорожченко, тоже малограмотный попгенетик, «описывал подробно, что (логарифмическая) формула ничем не лучше стандартной «линейной», тоже указывает на его фундаментальное непонимание азов анализа мутаций в гаплотипах. Логарифмический подход не может расматриваться в терминах «лучше» или «хуже» линейного, они друг друга дополняют, и должны применяться вместе там, где это возможно, или где нужно проверить, происходит ли выборка от одного общего предка. Есть много разных ситуаций – много гаплотипов в выборке или мало, протяженные гаплотипы или короткие, древний общий предок или относительно недавний, и для каждой ситуации тот или иной метод является более или менее предпочтительным. Поэтому «применять ее (логарифмическую формулу) незачем» – это опять вопиющая безграмотность Балановского и Запорожченко, непонимание ими азов расчетного аппарата ДНК-генеалогии, ревность середнячков в науке по отношению к тем, кто знают и понимают больше них. Ущербность, одним словом. Не должен настолько безграмотный Балановский работать в академической системе, и, надеюсь, это будет услышано теми, кто «принимают решения».

Продолжаем, опять Балановский, и опять про логарифмический метод, описывая, как рассчитать время до общего предка: *«Расчет числа мутаций от условно реконструированного предкового гаплотипа – например, ASD-статистика (БендирЬа et al, 2006), суда же относится и логарифмический метод Кле-сова* ».

Опять Балановский ничего не понял. Нет в логарифмическом методе «расчета числа мутаций», там мутации вообще не считаются, и тем более от «реконструированного предкового гаплотипа». Ничего «реконструированного» в логарифмическом методе нет, там базовый гаплотип наблюдается напрямую, и число его повторов вносится в логарифмическую формулу. Не странно ли, что Балановский, не имея понятия, о чем говорит, все время ударяет лицом в грязь? Неужели ему не надоело и не совестно? Хотя опыт показывает, что нет, не надоело и совсем не совестно.

В дискуссию опять вступает некий «Alex», который опять сомневается в логарифмическом методе расчетов, в частности, в использовании понятия «число

поколений» – *«Какой же смысл имеет это число поколений, если базовый гаплотип – не настоящий предковый».* Ну, «Алексу» простительно, он время от времени сообщает, что не разбирается ни в генетике, ни в ДНК-генеалогии. Правда, зачем-то комментирует. На самом деле в логарифмическом методе базовый гаплотип – это именно предковый. В примерах выше мы приводили реальные данные – в одной выборке гаплотипов было 249 базовых гаплотипов, в другой – 114, в третьей – 88 базовых гаплотипов. Это те гаплотипы, которые были идентичны друг другу в выборке. Чем ближе общий предок выборки жил к нашему времени, тем больше пропорция базовых гаплотипов в выборке. Никакой «реконструкции» базовых гаплотипов там не требуется, они – непосредственно предковые.

Слово получает Валерий Запорожченко, попгенетик, ученой степени нет: *«логарифмический способ нам показывает дистанцию между КАКИМ-ТО гаплотипом в выборке, и всеми прочими гаплотипами в ней».* Я, признаться, не знаю, как можно так исказить смысл логарифмического метода. Еще раз – в выборке находится серия базовых гаплотипов, это те, которые в выборке повторяются несколько или много раз, и это число подставляется в логарифмическую формулу, приведенную выше. Примеры расчетов даны выше. Как можно при этом писать, что «*логарифмический способ нам показывает дистанцию между КАКИМ-ТО гаплотипом в выборке, и всеми прочими гаплотипами в ней»?* Не «какой-то» гаплотип, а тот, который в данном случае повторяется, в рассмотренном выше примере, 249 раз.

Еще комментарий, каким-то участником «без лица», что «в *логарифмическом методе идет «простое вымывание базового гаплотипа»*

Я прокомментировал: это относится к любому процессу в химии или биохимии, там или «простое вымывание» исходного материала, или «простое накопление» продукта. В радиохимии идет «простое вымывание» исходного изотопа. А когда есть смесь изотопов, то идет «простое вымывание» их всех, одних быстрее других, других медленнее. Мудро. Осталось только кинетику процесса посчитать. Да на вклад отдельных изотопов (или гаплотипов) разделить. Да поправку на возвратные мутации (в гаплотипах) внести. Да решить, какие маркеры для расчетов использовать. Да константы скоростей мутации откалибровать по генеалогиям и историческим событиям. То-то попгенетики уже 20 лет с этим «простым вымыванием» справиться не могут.

Уже на склоне «дискуссии» некто Сергей воскликнул: *«Клёсову по существу кто-нибудь будет возражать содержательно? Возьмём его логарифмическую формулу, что в ней неправильно?».* Ответа ни от кого не последовало.

Alexei Kassian – лингвист, «подписант» письма 24-х: «для Клесова генеалогия МакДональдов – это и есть основная калибровочная шкала, по которой он выкручивает свою логарифмическую формулу ».

На это я и отвечать не стал. Касьян и понятия не имеет, о чем пишет. И при таком «понятии» он подписывает коллективное письмо против ДНК-генеалогии. Про ДНК-генеалогию МакДоналдов я расскажу при ответе на следующий вопрос.

Вообще в таких «дискуссиях» в очередной раз понимаешь их бессмысленность. Дискуссия хороша там, когда стороны внимательны по отношению друг к другу, хотят понять, в чем они могут ошибаться, и хотят найти «истину» в той мере, в какой она имеет место (или может быть воспринята как наименее противоречивая концепция) на данном этапе научного познания. В «Троицком варианте» такого не было и близко. Никакие объяснения заблуждений попгенетиков и прочих историков (типичный пример – Л. Клейн) в принципе ими не воспринимались, да вопрос ими так и не ставился. Даже такой «прозрачный» пример, как логарифмический подход расчета в сериях гаплотипов, отвергался с самого начала, и объяснения были бесполезными. Они либо игнорировались, либо отвергались на смехотворной основе, либо «дискуссия» переходила на личности. Время от времени в «дискуссию» внедрялись люди, от науки вообще бесконечно далекие, типа «журналиста» В. Лебедева, и вбрасывали полностью лживую информацию персональной направленности, типа что мной занимаются судебные органы США за финансовые

махинации, или что я планирую получить часть наследства русского царя Николая Второго. Никаких источников, естественно, при этом не приводилось, и приводиться не могло. Лебедев вообще типичный представитель желтой прессы, патологический лжец и русофоб, и понятно, что я его раздражаю за происхождение из среды древнего военно-боевого состава (Лебедев своих предков не знает даже в двух поколениях, да и в одном не очень осведомлен, о причинах не буду говорить), за антинорманистскую позицию (Лебедев – активный норманист), и так далее. Если бы я стал оспаривать эти лживые пасквили, тут же было бы объявлено, что я «оправдываюсь». Поэтому подобные дискуссии никакого смысла не имеют, кроме одного – их можно описать, текстуально процитировать «возражения» и дать им детальные объяснения для интересующихся читателей, что я и делаю.

Вопрос 77: **Чем полезны сочетания документальной генеалогии и ДНК-генеалогии? Расскажите про пример МакДоналдов.**

Пример с МакДоналдами показателен, так как с него фактически начиналась ДНК-генеалогия. Это были в свое время, семь лет назад, простые подходы, но они закладывали концептуальные подходы ДНК-генеалогии.

В Шотландии есть знаменитая «генеалогическая» семья МакДоналдов, их несколько тысяч человек, на них работает целый штат профессиональных генеалогов, их документальная генеалогия изучена во всех возможных деталях. И неудивительно, часть их (гаплогруппы R1a) берут свое начало от шотландского вождя Сомерледа, среди их предков наполеоновский маршал МакДоналд и много других выдающихся людей. Основная группа МакДоналдов гаплогруппы R1a ведет свою линию от Джона Лорда Островов (John Lord of the Isles), умершего в 1386 году, то есть 628 лет назад. Принимая 25 лет на условное поколение (именно эта величина входит в величины констант скоростей мутаций, приведенные в этой книге), получаем, что Джон умер 25 условных поколений назад, то есть жил примерно 25-26-27 условных поколений назад. В 2008 году серия гаплотипов потомков Джона[90] насчитывала 68 гаплотипов, затем (в 2010 году) 84 гаплотипа. Среди 68 гаплотипов в 6-маркерном виде было 17 мутаций, и 53 гаплотипа были немутированными, то есть базовыми. Начнем считать по правилам ДНК-генеалогии, сначала по мутациям, используя так называемый линейный метод: 17/68/0.0074 = 34±9 условных поколений до Джона (погрешность велика, поскольку мутаций мало). Теперь считаем без учета мутаций, используя логарифмический метод: [ln(68/53)]/0.0074 = 34±6 условных поколений назад. 0.0074 – это константа скорости мутаций для 6-маркерных гаплотипов, см. выше.

Потом появились 60 гаплотипов в 25-маркерном формате, в них – 69 мутаций, и из них 18 гаплотипов были базовыми, то есть идентичными друг другу. Получаем:

Линейный метод – 69/60/0.046 = 25±4 условных поколений.

Логарифмический метод – [ln(60/18)]/0.046 = 26±7 условных поколений.

Потом, с расширением тестирования, появились 84 гаплотипов в 25-маркерном фоормате, и в них во всех содержалось 109 мутаций. В тех же 84 гаплотипах в 12-маркерном формате было 44 мутации. Получаем:

Для 12-маркерных гаплотипов 44/84/0.02 = 26±5 условных поколений.

Для 25-маркерных гаплотипов 109/84/0.046 = 28±4 условных поколений. Здесь 0.02 и 0.046 – это константы скорости мутации для 12– и 25-маркерных гаплотипов, соответственно.

Мы видим, что по 6-маркерным гаплотипам идет завышение датировок, хотя и в пределах диапазона погрешностей. Но 6-маркерные – наименее надежные гаплотипы для расчетов датировок.

---

[90] Клёсов А.А., Тюняев А.А. (2010) Происхождение человека. М., Белые Альвы, 20210. – С. 102.

Итак, наблюдается разумное совпадение с документальной генеалогией по Джону и его потомкам: документальная генеалогия дает 628 лет до годовщины смерти Джона (1386 год), а ДНК-генеалогия дает 650–700 лет до времени его жизни (1314–1364 год), то есть практически абсолютное совпадение в контексте данного исследования, учитывая, что год его рождения неизвестен.

И таких примеров десятки, если не сотни, когда ДНК-генеалогия дает либо совпадения с документальной генеалогией (в пределах погрешности расчетов), либо дополняет документальную генеалогию, когда ее данные фрагментарные или вовсе отсутствуют, кроме приблизительных датировок.

Вопрос 78: **Насколько надежны определения времен образования гаплогрупп R1a и R1b по снипам?**

Пока совершенно ненадежны. Рассмотрим простой пример – два 67-маркерных базовых гаплотипа R1a-Z280 и R1b-P312. Их общий предок – гаплогруппа R1. Гаплогруппа R1a образовалась из гаплогруппы R1 примерно 20 тысяч лет назад[91], гаплогруппа R1b – примерно тогда же. Мои ранние датировки определяли возраст общих предков гаплогруппы R1a 20 тысяч лет назади, гаплогруппы R1b – 16 тысяч лет назад[92], недавние датировки времени образования гаплогруппы R1a по снипам дают для нее 105 снипов (компания YFull), то есть при 144 годах на снип получается возраст R1a, равный 15120 лет, хотя YFull заключили, что там должно быть 22100 лет; для R1b найдено всего 45 снипов, но YFull решили, что там тоже 22100 лет до общего предка (http:// www.yfull.com/tree/R1a/).

Таким образом компания YFull просто приравняла возраст R1b к R1a, без малейших обоснований, хотя снип-мутации происходят друг от друга совершенно независимо. У носителя гаплогруппы R1 примерно 20 тысяч лет назад проскочила снип-мутация в Y-хромосоме в нуклеотиде под номером 23 миллиона 473 тысячи 201, где был тимин, и он преобразовался в аденин.

Это сейчас назвали «снип M420». Но перед этим или после этого у других носителей гаплогруппы R1 проскочили еще три снип-мутации, разделенные, возможно, тысячелетиями – это превращение аденина в гуанин в участке Y-хромосомы под номером 17 миллионов 891 тысяча 241 (снип L62), превращение тимина в цитозин на участке под номером 18 миллионов 162 тысячи 834 (снип L63) и превращение цитозина в аденин на участке под номером 14 миллионов 138 тысяч 745 (снип L145). Сейчас у всех тестированных, имеющих гаплогруппу R1a, наблюдаются все четыре снипа – M420, L62, L63, и L145, и какой образовался раньше, какой позже, и сколько тысячелетий между ними – мы не знаем. Так какой возраст гаплогруппы R1a? И до какого снипа 105 мутаций? Мы опять же не знаем. Можно излагать «концептуально», не вдаваясь в детали, и ничего зазорного в этом нет. Но тогда не надо делать вид, что мы знаем детали, это – неправда. И YFull пишут – «22100 лет назад», прямо с точностью до 100 лет. А там – плюс-минус тысячелетия. Еще надо учесть, что здесь мы говорим не просто о носителях гаплогруппы R1 и их потомках R1a, а о тех, потомки которых выжили до настоящего времени.

Так вот, какое-то время назад у еще одного носителя гаплогруппы Rl,который жил тоже неизвестно когда, проскочила снип-мутация в положении Y-хромосомы под номером 2 миллиона 887 тысяч 824, которая превратила цитозин в аденин. Ее назвали снип M343, и он никакого отношения к указанным выше четырем снипам R1^R1a не имел. Вероятность того, что эти мутации произошли все или попарно в одно и то же время, практически нулевая.

---

91 Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

92 Клёсов, А.А. (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том1, № 4, 568–629; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

Зачем приравнивать их времена и писать – совершенно произвольно – что R1b образовался тоже 22100 лет назад, опять с точностью до ста лет, смысла никакого нет, разве что «по понятиям, для простоты».

В общем (и конкретно), мы не знаем. Но мы можем сравнить базовые гаплотипы субкладов R1a и R1b, время образования которых нам примерно известно, и определить, когда жил их общий предок, носитель гаплогруппы R1. А именно, из независимых данных, не по снипам. Об этом – ответ на следующий вопрос.

Вопрос 79: **Что такое «медленная» 22-маркерная панель гаплотипов?**

Эта панель была разработана для нахождения датировок особенно древних общих предков популяций. «Особенно древние» – это те, для которых возвратных мутаций в обычных маркерах гаплотипов настолько много, что мутации в маркерах приближаются к насыщению, и на время уже не реагируют. Точнее, число мутаций продолжает расти в «медленных» маркерах, но уже практически не растет в «быстрых» и прочих маркерах, и время до общего предка серии гаплотипов прогрессивно занижается.

Поэтому логика создания «медленной» панели гаплотипов была в том, чтобы изъять из гаплотипов «быстрые» маркеры, и оставить только медленные.

Приведем пример. Записываем базовые 67-маркерные гаплотипы субкладов R1a-Z280 и R1b-P312, упомянутых в ответе на предыдущий вопрос:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

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

Между ними – 44 мутаций, что транслируется в 44/0.12 = 367 → 568 условных поколений, или примерно 14200 лет. К этому нужно добавить «возраст» субкладов Z280 (4900 лет) и P312 (4300 лет), и разделить пополам. Это при формальном подходе означает, что их общий предок жил примерно 11700 лет назад. Этого, конечно, быть не может, так как гаплогруппы R1a и R1b имеют общего предка как минимум 20 тысяч лет назад. Ясно, что возраст общего предка субкладов, рассчитанный по 67-маркерным гаплотипам, значительно занижен.

Проверим по калькулятору Килина-Клёсова: результат – общий предок указанных субкладов жил 1367±2275 лет назад, при округлении получаем 13700±2300 лет назад. Все равно значительное занижение возраста общего предка, и мы уже знаем, почему – происходит насыщение аллелей из-за большого количества возвратных мутаций.

Переходим к «медленной» 22-маркерной панели. В нее входят следующие маркеры, с соответствующими константами скоростей мутаций, на условное поколение в 25 лет:

DYS426 0.00009
DYS388 0.00022
DYS392 0.00040
DYS455 0.00010
DYS454 0.00030
DYS438 0.00035
DYS531 0.00090
DYS578 0.00043
DYF395S1a 0.00040

DYF395S1b 0.00040
DYS590 0.00034
DYS641 0.00017
DYS472 0.000008
DYS425 0.000042
DYS594 0.00017
DYS436 0.00004
DYS490 0.00007
DYS450 0.00011
DYS617 0.00050
DYS568 0.00005
DYS640 0.00015
DYS492 0.00015

Суммарная скорость мутации – 0.00539 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет).

В 22-маркерной панели базовые гаплотипы субклада R1a-Z280 и R1b-P312 имеют вид:

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
(R1a-Z280)
12 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
(R1b-P312)

Между ними – 7 мутаций, расстояние между гаплотипами транслируется в 7/0.00539 = 1299 условных поколений, которые следует откорректировать на влияние обратных мутаций (в 1.187 раз, получив 38548 лет), прибавить 4900 и 4300 лет и разделить пополам, получим 23874±9300 лет до общего предка. Видно, что это значительно более реалистично, чем 13700±2300 лет назад, хотя полученные величины перекрываются краями доверительных интервалов.

Проверим по калькулятору Килина-Клёсова: результат – общий предок указанных субкладов жил 26942±9642 лет назад, при округлении получаем 27000±0000 лет назад. Проверяем по данным YFull – датировка гаплогруппы R1 по снипам составляет 27600±2300 лет назад (http://www.yfull.com/tree/R1/). (Рис. 15) Взглянем на значительно более сложный случай – время жизни общего предка гаплогрупп R1a-Z280 (базовый гаплотип, 4900 лет до предка) и A0-V166 (современный гаплотип), датировка которого должна приближаться к 180 тысячам лет назад[93]:

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
(R1a-Z280)
12 13 10 10 11 10 11 8 15 15 8 9 8 0 10 9 14 8 12 8 11 12
(A0-V166)

Ручные расчеты здесь почти неприменимы, так как здесь число мутаций (18) приближается к числу маркеров в гаплотипах (22), и расчет с поправкой на возвратные мутации неустойчив. Калькулятор Килина-Клёсова показывает 187482^09316 лет, или округленно 190000±110000 лет до общего предка (Рис. 16).

Погрешности очень велики, потому что расчет ведется по двум относительно коротким гаплотипам.

---

93 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

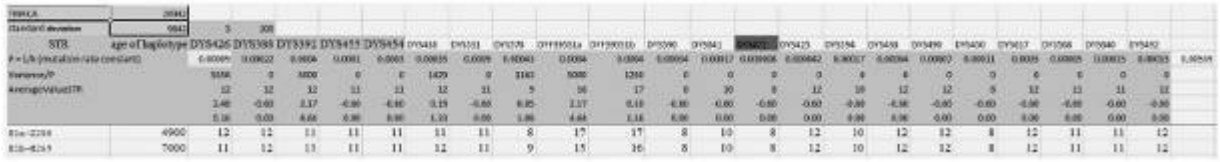


Рис. 15. Расчет времени до общего предка гаплогрупп R1a-Z280 и R1b-P312 по их базовым гаплотипам в «медленном» 22-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Калькулятор показывает 26942±9642 лет до общего предка

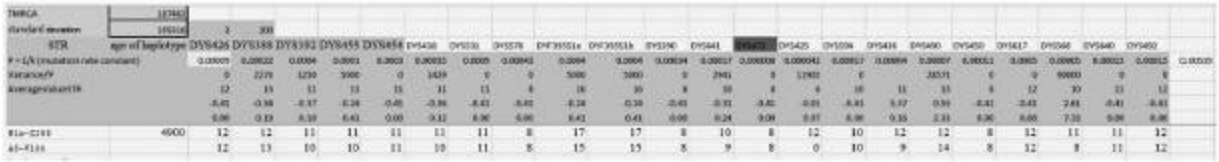


Рис. 16. Расчет времени до общего предка гаплогрупп R1a-Z280 и A0-V166 по их базовым гаплотипам в «медленном» 22-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Калькулятор показывает 187482±109316 лет до общего предка

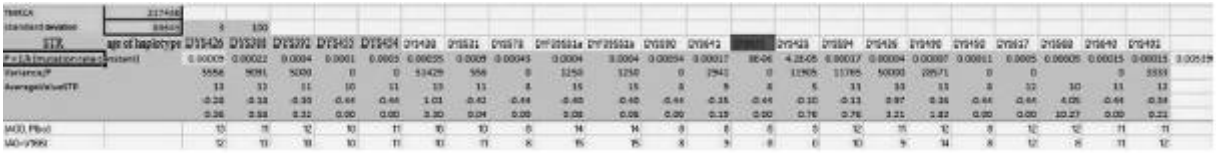


Рис. 17. Расчет времени до общего предка гаплогрупп A00 и A0-V166 по их базовым гаплотипам в «медленном» маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Калькулятор показывает 217436±84643 лет до общего предка.

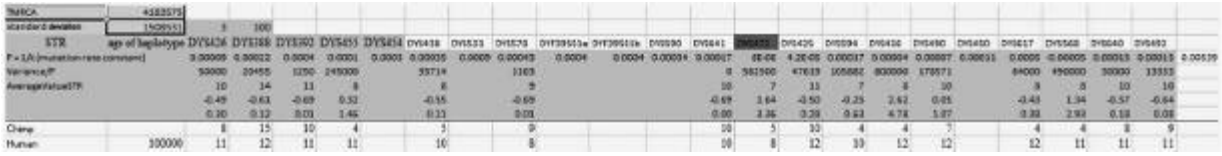


Рис. 18. Расчет времени до общего предка человека и шимпанзе по их базовым гаплотипам в «медленном» 22-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Калькулятор показывает 4 183 575 ± 1 508 531 лет до общего предка.

Следующий пример: время жизни общего предка гаплогруппы A00 (450 лет до общего предка популяции племени Mbo в Камеруне) и A0-V166 (современный гаплотип), датировка общего предка которых должна превышать 200 тысяч лет назад[94]. Здесь – 27 мутаций между двумя 22-маркерными гаплотипами, что делает расчеты вручную практически невозможными.

13 11 12 10 11 16 10 8 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11
(A00)
12 13 10 10 11 10 11 8 15 15 8 9 8 0 10 9 14 8 12 8 11 12
(A0-V166)

Калькулятор Килина-Клёсова показывает 217436±84643 лет, или округленно 217000±85000 лет до общего предка. Это по современным представлениям датировка *Homo*

94 E. Elha1k, T.V. Tatarinova, A.A. Klyosov, D. Graur (2014) The ‘extremely ancient' chromosome that isn't: a forensic bioinformatic investigation of A1bert Perry's X-degenerate portion of the Y chromosome. European Journal of Human Genetics 22, 1111–1116.

sapiens как вида рода «люди» (рис. 17).

Наконец, рассмотрим самый сложный случай – датировка общего предка современного человека (базовый гаплотип экстраполирован к времени примерно 100 тысяч лет назад) и шимпанзе, по доступным маркерам (DYS426, 388, 392, 455, 438, 578, 641, 472, 425, 594, 436, 490, 617, 568, 640, 492)[95]

8 15 10 4 5 9 10 5 10 4 4 7 4 4 8 9
(шимпанзе)
11 12 11 11 10 8 10 8 12 10 12 12 12 11 11 11
(человек, 100000 лет назад)

Калькулятор показывает, что общий предок жил 4 183 575 ± 1 508 531 лет назад, или округленно 4.2 миллионов лет назад (рис. 18).

Но более надежный результат расчета получен без экстраполяции, путем расчета по гаплотипам шимпанзе и современного человека, и это показало, что их общий предок жил примерно 4.4 миллиона лет назад (рис. 26 ниже).

Вопрос 80: **Какие типовые деревья гаплотипов наблюдаются в ДНК-генеалогии, каковы результаты их расчетов?**

В ДНК-генеалогии встречаются симметричные, однородные деревья гаплотипов, которые с хорошей точностью описываются одним общим предком, от которого произошли большинство (или все) гаплотипов в данной выборке. Примером является большая выборка из 968 гаплотипов гаплогруппы I1

[95] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198–213;

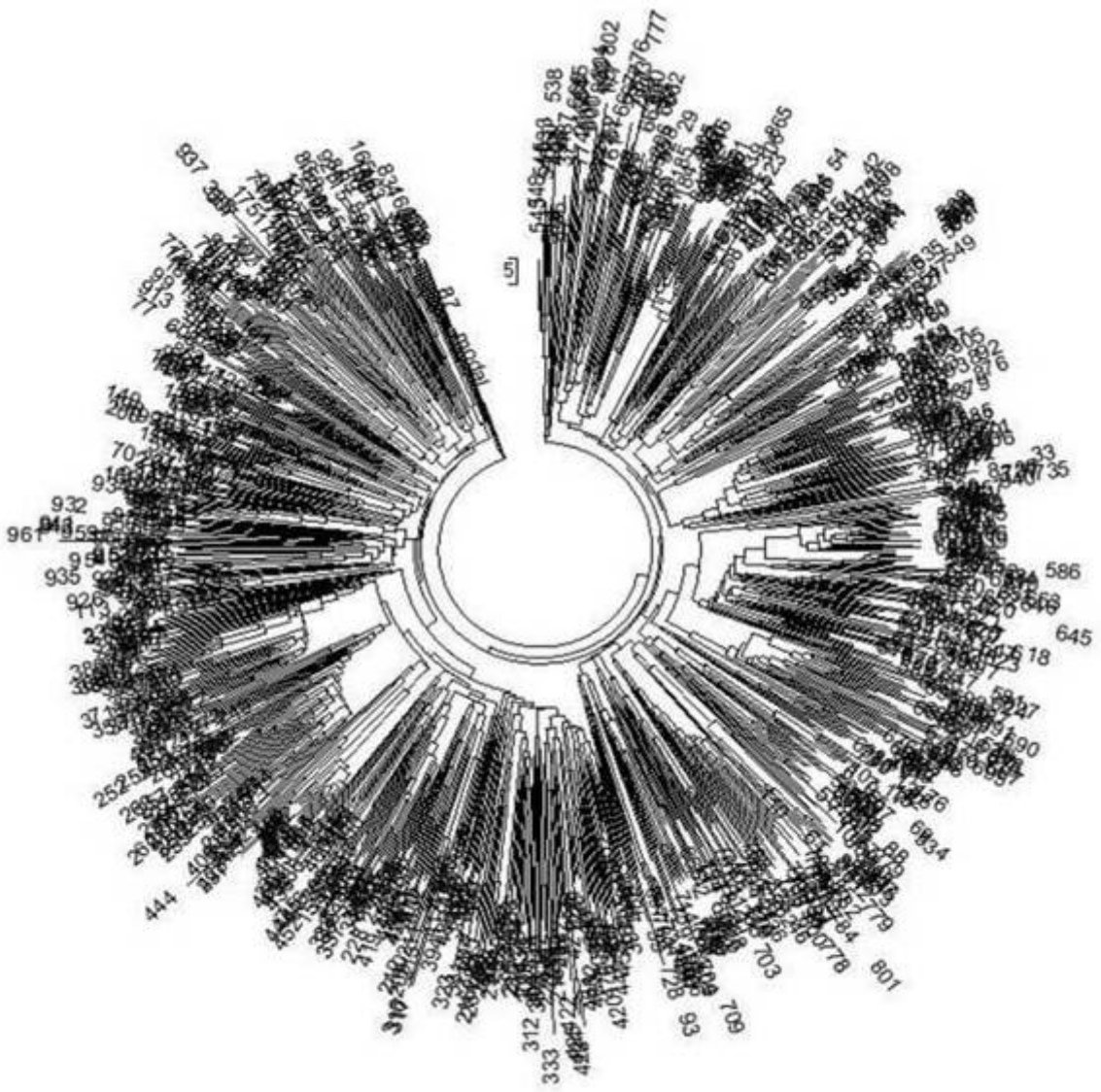


Рис. 19. Дерево из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 в 111-маркерном формате

Все 968 гаплотипов имели 14891 мутаций в 67 маркерах, и 24990 мутаций в 111 маркерах. Это дает 14891/968/0.12 = 128 → 147 условных поколений, или 3675±370 лет до общего предка по 67-маркерным гаплотипам, и 24990/968/0.198 = 130 → 149 условных поколений, или 3725±370 лет до общего предка по 111-маркерным гаплотипам. Калькулятор Килина-Клёсова дает соответственно 3618±363 и 3686±369 лет до общего предка.

Еще пример – серия из 829 гаплотипов гаплогруппы R1b-U106 в 111-маркерном формате:

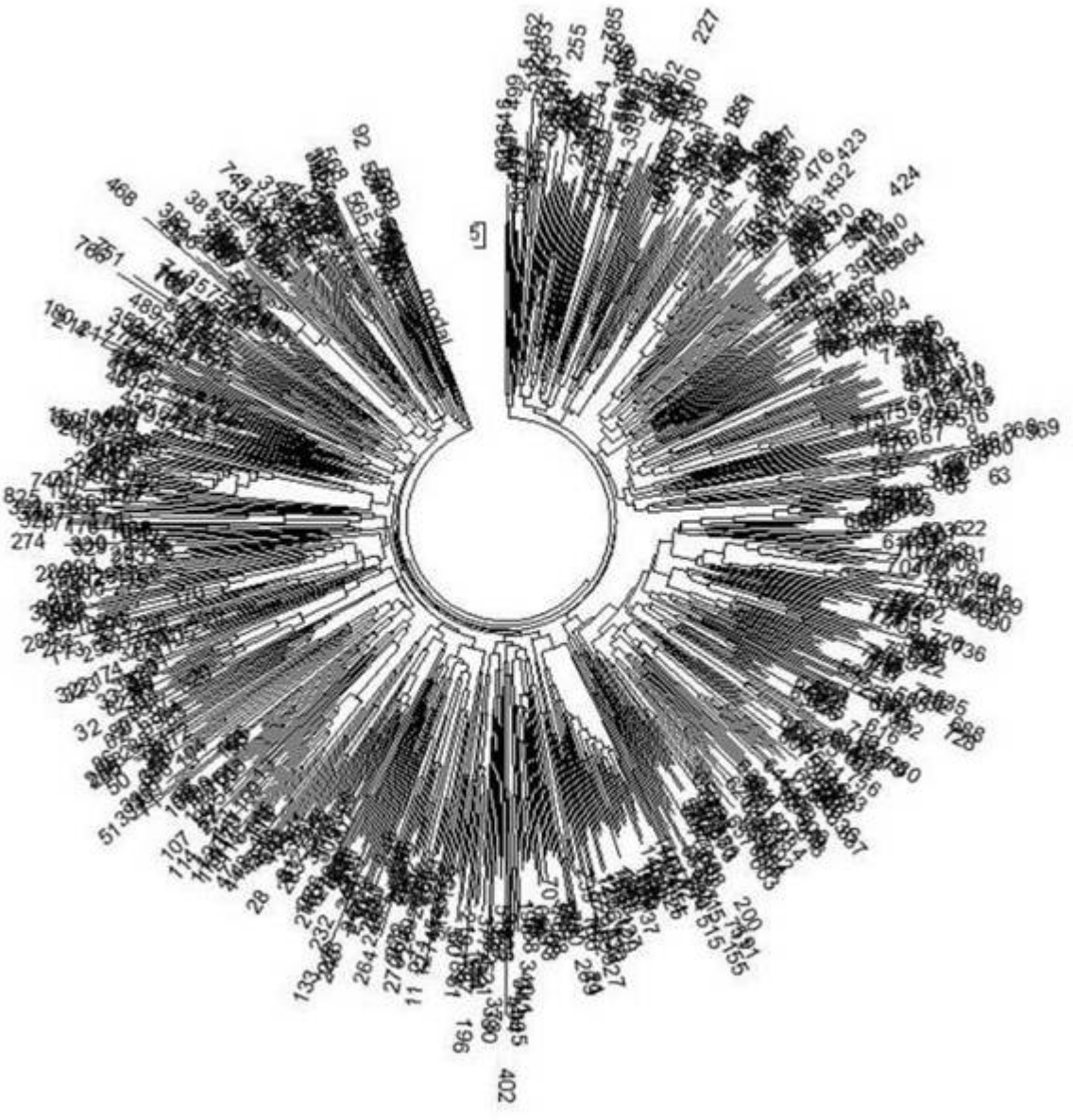


Рис. 20. Дерево из 829 гаплотипов гаплогруппы R1b-U106 в 111-маркерном формате

Все 829 гаплотипов имели 13254 мутаций в 67 маркерах, и 20874 мутаций в 111 маркерах. Это дает 13254/829/0.12 = 133 → 154 условных поколений, или 3850±390 лет до общего предка по 67-маркерным гаплотипам, и 20874/829/0.198 = 127 → 146 условных поколений, или 3650±370 лет до общего предка по 111-маркерным гаплотипам. Калькулятор Килина-Клёсова дает соответственно 3822±385 и 3850±387 лет до общего предка.

Значительно чаще встречаются деревья несимметричные, или еще более выраженные, с характерными ветвями. Так, 245 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы I2 образуют следующее дерево:



Рис. 21. Дерево из 245 гаплотипов гаплогруппы I2 в 111-маркерном формате

В этом дереве можно выделить три основные ветви – верхнюю из 157 гаплотипов, и две нижних из 35 и 52 гаплотипов. Для краткости, приведем их датировки без подробных расчетов, и без округления. Для первой ветви, общий предок жил (расчет по 67-и 111-маркерным гаплотипам) 6986±707 и 7285±734 лет назад; для второй ветви – 3517±384 и 3542±374 лет назад; для третьей ветви 5098±533 и 5066±521 лет назад. Отметим, насколько согласуются данные для 67– и 111-маркерных гаплотипов.

Еще пример дерева гаплотипов с выраженной ветвью – для серии из 739 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы J1.

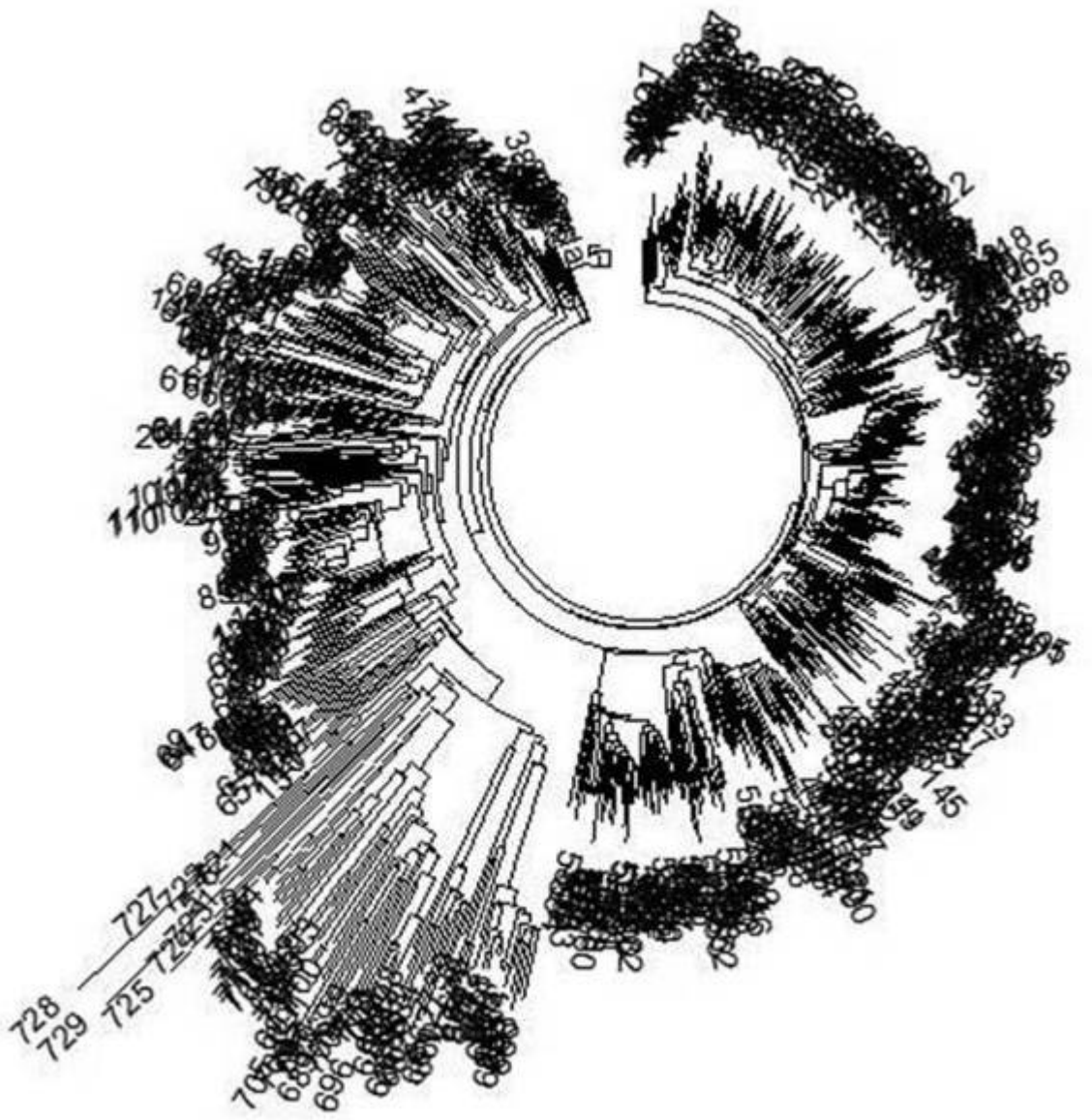


Рис. 22. Дерево из 739 гаплотипов гаплогруппы J1 в 111-маркерном формате

Здесь нижняя ветвь (слева) состоит из 72 гаплотипов, ее общий предок жил (расчет по 67– и 111-маркерным гаплотипам) 8114±830 и 8469±859 лет назад; общий предок гаплотипов верхней ветви – 3355±337 и 3245±326 лет назад. Датировки здесь не округлены, и, строго говоря, представление данных в таком виде математически некорректно, здесь это представлено сугубо для иллюстрации. Некорректно – потому, что при погрешности в сотни лет давать датировки с точностью до одного года просто бессмысленно. Здесь еще одно упрощение – левая ветвь на дереве старше, чем правая, а общий расчет их «возраст» усреднил. То, что правая ветвь заметно «моложе» – видно и на глаз, там высота «гребенки» гаплотипов меньше. Левую ветвь мы будем анализировать ниже, при ответе на Вопрос 98, это – гаплотипы евреев и арабов, происходящие от одного общего предка, который жил примерно 4000 лет назад.

Экстремальные случаи неоднородных деревьев гаплотипов иллюстрируются, например, на рис. 13. Теоретически, расчет времени до общего предка для таких деревьев можно вести только в том случае, когда все ветви дерева имеют одинаковый «вес», то есть все ветви одинаковы по численности и по возрасту. На дереве на рис. 13 этого нет, и при расчетах по всему дереву, «чохом», получается «датировка» некого фантомного предка, не имеющая ничего общего с реальностью. Но так работают популяционные генетики. На самом деле нужно обработку каждой ветви проводить раздельно.

Вопрос 81. **Почему константы скоростей мутаций – «константы», если они во всех маркерах разные?**

Константами называют коэффициенты в уравнениях химической и биологической кинетики (кинетика – это наука о скоростях и механизмах химических и биологических реакций), которые показывают, как быстро или медленно реакция протекает. Простейшим уравнением кинетики является уравнение кинетики первого порядка, которое можно записать в виде c = co e-kt, где co – это начальная концентрация вещества, которое претерпевает химические превращение, c – текущая концентрация, t – время, прошедшее с начала реакции, и k – константа скорости реакции. Это определение можно варьировать, в зависимости от рассматриваемой системы – например, в процессе радиоактивного распада мы уже не будем использовать слова «химическое превращение» и «химическая реакция», как и «текущая концентрация», хотя по сути можно использовать и их. Так вот, «константа» здесь не потому, что для разных реакций величина k будет одинакова, а потому, что в ходе реакции она остается постоянной. В процессах радиоактивного распада она «константа» еще и потому, что не зависит от размера образца радиоактивного материала. В серии гаплотипов она «константа» и потому, что не зависит от числа гаплотипов в серии, десятки там гаплотипов, сотни или многие тысячи.

Адаптируя это уравнение и определения к мутациям в гаплотипах, мы в качестве со рассматриваем базовые гаплотипы, в качестве c – количество оставшихся базовых гаплотипов в выборке, в качестве k – константу скорости мутации для данного маркера или гаплотипа. Эта константа остается постоянной – потому она и константа – в ходе убывания доли базовых гаплотипов в системе.

Пример. Имеем выборку, например, из сотни гаплотипов прямых потомков общего предка. Пусть гаплотипы будут в 67-маркерном формате. Понятно, что сто потомков одного предка появятся не сразу, на их появление требуется время. Допустим, прошло 500 лет, то есть 20 условных поколений. Те ДНК-линии, в которых рождались девочки, или детей вообще не было, не попадают в выборки будущего. Если в поколении рождалось по одному мальчику, то через 20 поколений вся максимально возможная выборка будет состоять только из одного человека, потомка того предка 500 лет назад. Если в каждом поколении рождалось по два мальчика, то через 10 поколений потомков будет уже 1024 человек, а через 20 поколений – чуть больше миллиона человек, конечно, в идеальном случае. Понятно, что это упрощения, но ясно, что через 10 поколений, то есть примерно 250 лет, выборку в сотню потомков уже можно набрать.

Покажем, как константа скорости мутации, будучи именно константой, описывает убывание базовых гаплотипов в системе. Через 10 поколений в ста гаплотипах потомков предковые (базовые) 67-маркерные гаплотипы останутся только у 30 человек. Проверим: [ln(100/30)]/0.12 = 10 (условных поколений). Через 13 поколений базовые гаплотипы останутся у 20 человек. Через 19 поколений – у 10 человек. Через 25 поколений – у пяти человек. Через 32 условных поколения, то есть через 800 лет, базовые гаплотипы останутся только у двух человек: [ln(100/2)]/0.12 = 32 (условных поколения).

Как мы видим, константа скорости мутации (для 67-маркерных гаплотипов равная 0.12 мутаций на гаплотип на поколение) остается неизменной, и определяет, с какой скоростью убывают базовые гаплотипы в потомках. Естественно, при переходе к более коротким гаплотипам, например, 12-маркерным, базовые гаплотипы сохраняются у многих потомков тысячелетиями. Например, два базовых 12-маркерных гаплотипа из ста сохранятся через [ln(100/2)]/0.02 = 196 условных поколений, то есть почти через пять тысяч лет.

Эти же закономерности соблюдаются для всех индивидуальных маркеров во всех гаплотипах, как было показано при реальных исследованиях[96].

[96] Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

Вопрос 82: **Могут ли на величины констант скоростей мутаций в гаплотипах влиять факторы окружающей среды?**

Это маловероятно, и скорее всего не могут. Во всяком случае, константы скоростей мутаций в гаплотипах одни и те же во всех регионах мира, и во всех изученных гаплогруппах. Никаких данных, которых бы этому противоречили, нет. В литературе (обычно сетевой) не раз объявлялось, что скорости мутаций разные в разных гаплогруппах, причем это объявлялось на единичных примерах, но каждый раз оказывалось, что расчеты проводились неквалифицированно и просто некорректно. В зарубежной литературе иногда цитируют данные Kirchner, который якобы показал разницу в скоростях мутаций для нескольких гаплогрупп, но во всех случаях расчеты проводились опять на единичных примерах, порой на двух-трех гаплотипах. Никакого подобия статистической обработки данных не было.

Глава 5
Что открыла (или приоткрыла) ДНК-генеалогия в истории древнего мира

Как неоднократно подчеркивалось в этой книге (и во многих моих статьях) ДНК-генеалогия вовсе не подменяет исторические науки, и такой задачи не ставит. ДНК-генеалогия показывает историкам и археологам новые направления и варианты интерпретации зачастую разрозненных данных, которые ранее интерпретировали по-другому. ДНК-генеалогия выявляет новые данные об истории древнего мира, которые ранее не были известны. Таким образом, ДНК-генеалогия вместе с историками, лингвистами, этнологами воссоздает более правильную картину древнего мира.

Но как указывалось в Предисловии, некоторая проблема состоит в том, что парадигмы ДНК-генеалогии и истории несколько различаются, что неудивительно – разные науки и направления наук различаются методологиями, поскольку именно методологии получения данные и их интерпретации фактически формируют науки. Соответственно, различаются и парадигмы, то есть совокупность терминов, представлений, установок, характера описаний предметов и явлений в научных статьях и книгах. Парадигмы вырабатываются поколениями исследователей, и по характеру описаний, например, в научной или популярной статье, специалист сразу видит, написана она человеком «со стороны», или принадлежит к привычной специалисту парадигме. Если «со стороны», то вызывает реакцию от недоверия до полного отторжения. Это – совершенно распространенное явление в науке, и оттого такая трудность работы на стыке наук и восприятия результатов и интерпретаций специалистов с обеих сторон. Причем чем более закостенелые специалисты, чем меньшая гибкость их мышления и восприимчивость к новым идеям и положениям, тем более негативная реакция, вплоть до полного отторжения «чужаков» с их концепциями. При этом концепции зачастую и не рассматриваются, достаточно того, что их воспринимают как нечто чуждое, не вписывающееся в привычную парадигму.

Поэтому, переходя к изложению нескольких новых концепций об истории древнего мира, которые ДНК-генеалогия сформулировала, пусть в предварительном варианте, на основании своих экспериментальных данных, надо опять подчеркнуть, что это скорее подсказка историкам, археологам, лингвистам, специалистам по этнологии, в каком направлении им стоит рассмотреть свои данные, представления, гипотезы – возможно, их надо переосмыслить, подправить, а то и полностью пересмотреть. Ответы на вопросы даются весьма сжатые, и более подробное изложение можно прочитать в книгах (А.А. Клёсов, 2010, 2013, 2015), статьях в Advances in Anthropology, Human Genetics, Eur. J. Human Genetics, J. Genet. Genealogy, Frontiers in Genetics, Биохимия, и других, а также на сайте http://pereformat.ru/klyosov

На вопросы ниже сначала приводится сжатый ответ, и далее его обоснование.

Вопрос 83: **Кто такие арии с точки зрения ДНК-генеалогии? Арии на Русской равнине, в Индии, Иране, Месопотамии.**

Резюме: **Арии – древний род, который целесообразно отсчитывать от времени примерно 5500 лет назад (а именно, от времени образования гаплогруппы R1a-Z645), и на протяжении их миграций с Русской равнины (начавшихся примерно 4500 лет назад, в середине III тыс до н. э.) на юг, через Кавказ в Месопотамию, на юго-восток, в Среднюю Азию и далее на Иранское плато, и на восток, до Южного Урала и далее в Индостан.**

В исторической и лингвистической литературе арии – это носители определенного языка. Цитирую положение археолога Л.С. Клейна: *«Уточняю: арии – это выделившиеся из индоевропейской языковой общности носители неких языков, а индоарии – выделившиеся из ариев носители более узкой группы языков. Никакого другого значения термин «арии» (как научный термин) не имеет. Термин индоарии – соответственно. Носители такого-то языка – и точка» (Коллизия двух парадигм? Переписка с Л.С. Клейном. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, т. 4, № 2, 246–402 (2011)).*

Древние языки – это понятие довольно зыбкое, и при дальнейшем удревнении языки уходят, как в песок. Поэтому использовать языки как критерий отнесения популяций в древности – это вариант обычно проигрышный, и интерпретации обычно являются множественными, а значит – никакими. Так и получилось с ариями в лингвистике и, соответственно, в истории, они условно появляются примерно шесть-пять тысяч лет назад как «*выделившиеся из индоевропейской языковой общности носители неких языков»,* при этом неопределенной является и сама эта общность, откуда и когда она появилась. В научной литературе отмечены примерно 25 ее «прародин» от Индии до Анатолии до Балкан до южных степей Русской равнины, а попутно и в Ютландии, между Северным и Балтийским морями, а современные носители поздних ветвей арийских языков говорят на санскрите, хинди, бенгали, пуштунском, таджикском, мидийском, персидском и многих других языках. В ДНК-генеалогии арии – это не только «носители языков», но люди, с их глубинным происхождением, которое совершенно конкретно выявляется по их Y-хромосоме. Дело в том, что большинство членов высших каст Индии, до 72 %[97], принадлежат к роду R1a, к нему же принадлежит подавляющее большинство браминов Индии, и шлейфы этой гаплогруппы, обнаруживаемые и по современным носителям гаплогруппы R1a, и по ископаемым ДНК, выходят из Европы и ведут в сторону Индии, Средней Азии и в Предкавказье. Эти же направления миграций давно выявила археология (книги Кузьминой и Клейна), проблема в том, что археологи (те же Кузьмина и Клейн) между собой так и не договорились, их концепции серьезно различаются, о чем Клейн любит упоминать.

Надо сказать, что новому определению ариев очень способствует то, что носителей гаплогруппы R1b в Индии практически не обнаружено, их не обнаружено и в высших кастах, и среди 367 браминов, тестированных на ДНК, ни у одного гаплогруппы R1b не было обнаружено. Таким образом, гаплогруппу R1b из определения ариев можно с самого начала вычеркивать.

Так кто такие арии в рамках ДНК-генеалогии? Выдвигаемое новое определение требует дополнительной расшифровки, интерпретации и в итоге определенного консенсуса специалистов. Это положение верно, если мы договоримся, что носители гаплогруппы/субклада R1a-Z645 (см. диаграмму ниже), которые жили за две тысячи лет до прихода их в Индию, были ариями, и ариями были их потомки, во всяком случае, до середины I тыс. до н. э. Это тогда, в середине I тыс., Дарий I «добронравный», ахеменидский

---

97 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

царь, написал на барельефе в Накш-и-Рустаме «Я, Дарий, великий царь, царь царей… ахеменид, перс, сын перса, арий, сын ария». Напомним, что у современных историков и лингвистов арии не имеют исторического начала. ДНК-генеалогия, напротив, выстраивает четкую генеалогическую линию ариев, причем не как языка, а как людей, принадлежащих к определенному роду. Поскольку гаплогруппа – это совокупность родственных субкладов, происходящих по цепочке от еще более древних общих предков, а субклад – это совокупность носителей одних и тех же снипов, то ясно, что все их носители, то есть в данном случае мужчины, произошли от одного общего предка, патриарха, в ДНК которого этот снип впервые образовался. Фактически это есть общепринятое определение рода, что есть совокупность всех поколений людей, происходящих от одного предка.

В принципе, мы имеем полное право, оперируя в парадигме ДНК-генеалогии, поместить патриарха рода ариев в любое место на цепочке снипов гаплогруппы R1a, поскольку, напоминаем, именно гаплогруппу R1a имеют до 72 % членов высших каст современной Индии, и возраст общего предка индийских R1a по разным выборкам составляет от 3500 до 4500 лет. Но лучше не просто «делать талию» для ариев в любом месте генеалогической цепочки снипов, а привлечь для выбора данного места независимые данные. Посмотрим на эту цепочку снипов с соответствующими датировками:



Рис. 23. Диаграмма субкладов гаплогруппы R1a в сокращенном виде. Серой полосой выделен субклад R1a-Z645, который образовался примерно 5500 лет назад, и который уместно отнести к арийскому субкладу. Основным субкладом гаплогруппы R1a в Индии является, по-видимому, R1a-L657, хотя данных пока мало. Основной пуштунский субклад – R1a-Z2124, «параллельный» индийскому.

Итак, в первой половине – середине III тыс. до н. э., то есть во времена гибели гаплогрупп Старой Европы, носители R1a перешли на восток, на Русскую равнину. Исходя из датировок субкладов, приведенных на диаграмме выше, на равнину перешли носители субклада R1a-Z645, и датировка возникновения этого субклада, примерно 5500 лет назад, середина IV тыс. до н. э., соответствует временам распада индоевропейской языковой общности. Уже на Русской равнине или непосредственно на подходе, всего через несколько столетий, образовались субклады Z283 и практически в то же время Z282 и Z280, и параллельный им Z93, все образовались примерно 5000 лет назад, в начале III тыс. до н. э. Субклад Z280 – основной субклад этнических русских, Z93 – основной субклад индийцев в высших кастах. Как мы видим, субклад/снип R1a-Z645 оптимальным образом подходит на

наименование арийского – при нем индоевропейский язык начал расходиться на ветви, он – общий предок целой серии субкладов, образовавшихся примерно в одно и то же время, и чуть позже датируется возникновение индоарийской и иранской языковых ветвей. Хотя историки и лингвисты никак не договорятся, когда же все-таки это было. Ответ прост – в середине III тыс. до н. э. началось физическое расхождение ариев, а язык, более консервативный по сравнению с физическим расхождением, начал фактически расходиться через несколько столетий.

Относительно ариев на Русской равнине – они, согласно шлейфам их ДНК (нисходящие субклады от Z645) прошли по всей равнине начиная от начала-середины III тыс до н. э. до их прихода в Индию, на Иранское плато, в Месопотамию через тысячелетие, в середине II тыс до н. э. Везде в тех местах продолжают жить их потомки. На Ближнем Востоке, среди арабов содержание гаплогруппы R1a достигает 9 % в Омане, 7.4 % в ОАЕ, 6.9 % в Ираке, 6.9 % в Катаре[98], причем субкладов R1a-Z645-Z93-L657 и родственных, и общий предок которых с этническими русскими субклада R1a-Z645-Z280 жил около 5000 лет назад, в начале III тыс до н. э.

Вопрос 84: **Кто такие русы с точки зрения ДНК-генеалогии?**

Резюме: **Русы на Русской равнине с середины III до н. э. описываются краткой формулировкой – «арии ушли, русы остались». У ариев и русов был один общий предок, носитель гаплогруппы R1a-Z645, живший примерно 5500 лет назад, в середине IV тыс до н. э. У ушедших в миграции ариев (середина III до н. э.) была в основном гаплогруппа R1a-Z645-Z93, у оставшихся русов – R1a-Z645-Z280. Видимо, древнейшей археологической культурой русов была фатьяновская культура (вторая половина III тыс до н. э. – середина II тыс до н. э.), с переходом из культуры боевых топоров.**

Если определение ариев, как описано выше, в ответе на Вопрос 83, принимается, то положение «арии ушли, русы остались» получает смысловое наполнение. И те, и другие были ариями по происхождению, и если мы об этом договоримся, то положение о русах на Русской равнине с середины III тыс до н. э. приобретает конкретный и корректный исторический смысл. Оспорить его нельзя, потому что тогда это положение основывается на четких определениях. Возражать здесь можно только «мнениями», а цена им в науке близка к нулю. Да и что можно по факту противопоставить? Нечего. Более того, с конца II тыс до н. э. начались активные миграции носителей гаплогруппы R1a с Восточно-Европейской равнины на запад. И сегодня в Австрии, родине кельтов (Гальштат) – самое высокое содержание R1a из всех центрально-европейских стран (19 %). Для сравнения – Бельгия (4 %), Англия (4.5 %), Франция (3 %), Западная Германия (9 %), Ирландия (2.5 %), Италия (4 %), Нидерланды (4 %), Испания (2 %, у басков – 0 %), Швейцария (3.5 %). Есть хорошая вероятность, что в Гальштат, на территории современной Австрии, в первой половине I тыс. до н. э. продвинулась группа носителей R1a, говорящих на ИЕ языке, которые и стали первыми кельтами. Можно на это аргументированно возразить? Нет, нельзя, потому что современная историческая наука не знает, кто были первыми кельтами, и откуда у них появился индоевропейский язык.

Что же касается R1a на Русской равнине, то они на Равнине и жили с давних пор – например, фатьяновская культура, судя по трупоположению в скорченном виде на правом боку (для мужчин) и на левом (для женщин, головой на запад) – это типичная поза для мужчин – носителей R1a, и их женщин. Назвать их «русами» – непривычно, но это предки этнических русов.

---

98 Abu-Amero, K.K., Hellani, A., Gonzalez, A.M., Larruga, J.M., Cabrera, V.M., Underhill, P.A. (2009) Saudi Arabian Y-chromosome diversity and its relationship with nearby regions. BMC Genet. 10, 59.

Вопрос 85: **На каком языке говорили древние русы, и какова их последующая история, после середины III тыс до н. э.?**

Древние русы по определению говорили на древнерусском языке, который был переходным от индоарийских языков к намного более поздним славянским языкам.

В отношении того, на каком языке говорило дославянское население на Восточно-Европейской равнине – его опять можно называть как угодно – дославянским, древнеславянским, скифским, гиперборейским, шнуровиковским, фатьяновским, славяно-русским, арийским, индоарийским, или так, как сочтут правильным лингвисты, это их прерогатива. С германскими языками лингвисты поступают более щадяще – нет там прагерманских или протогерманских, как нет праяпонских. Древнегерманские языки – и этим все сказано. Но у славян ведь древней истории быть не может, не так ли? Поэтому нет древнеславянских языков, во всяком случае, в применении к временам 3-4-5 тысяч лет назад. А на каких языках говорили носители фатьяновской культуры III–II тыс. до н. э. на территории нынешней центральной России? А ведь они явно были носителями той же гаплогруппы R1a, как и половина современных этнических русских, то есть наследниками ариев гаплогруппы R1a-Z645, как было обосновано в предыдущем ответе на вопрос по ариям.

Язык ариев гаплогруппы R1a-Z645 естественным путем, в своей (глоттохронологической) динамике изменялся от некоего «общеарийского» в «Старой Европе» (ранее начала III тыс. до н. э.) до арийского на Русской равнине в первой половине III тыс. и далее через расхождения его на «индоарийский» (или индский) и «иранский» во второй половине III тыс. (расхождения были, скорее всего, тогда незначительные) и далее в ходе II тыс., когда эти ветви довольно четко различаются. У скифов, начиная с первой половины I тыс. до н. э., были разные языки, индоевропейские (гаплогруппа R1a) и неиндоевропейские (гаплогруппы R1b, G2a, J2 и другие, если были у скифов). У скифов-носителей

R1a были «иранские языки», если верить классификациям лингвистов (к чему я лично отношусь с известной долей скептицизма), но если и так, то измененные за тысячелетие. Иначе говоря, «иранские» у тех ариев, кто ушли в Среднюю Азию к концу III тыс., и через 500 лет перешли на Иранское плато, и у скифов через 1000 лет после разделения «индоариев» и «индоиранцев» непременно уже должны были быть уже другими языками, чем у первых двух тысячу лет назад. А у лингвистов они все «иранцы» – и на Днепре 5000 лет назад, и у скифов 2000 лет назад. Так не бывает. А у сарматов, «проводящих всю жизнь в повозке и на коне» (Тацит) вообще в значительной степени определенно была гаплогруппа R1b, с ее неиндоевропейским языком в те времена.

Язык у славян прошел долгий путь от языков ариев Русской равнины (где R1a-Z280 и R1a-Z93 разошлись всего 200–300 лет назад до выхода на Равнину, и все были ариями), и это были шнуровики и затем фатьяновцы с их опять же определенно арийскими языками, и эти языки остались на Русской равнине и менялись в своей динамике непростым путем, сближаясь с балтскими севернее и со скифскими на юге, и в итоге перешли в своей непрерывности в языки европейских культур лужицкой, поморской (померанской) и подклешевых погребений, и стали славянскими языками. Естественно, у них должны были остаться элементы иранских и индоарийских языков.

Как назвать язык тех, кто остался на Русской равнине, в основном (судя по настоящему времени) носители R1a-Z280? Те, кого относят к культуре шнуровой керамики и фатьяновской археологической культуре, в первую очередь, и последующих культур? Да русы это, древние русы, а если это древние русы, то и язык древнерусский.

А потом опять пошла динамика миграций и языков, опять их карусель. Древние русы стали продвигаться на запад по всему восточноевропейскому фронту, возвращая гаплогруппы R1a в Европу, причем и Z280, и M458, носители которых группировались на западной части Равнины, на территориях современных Польши, Белоруссии, Украины. На севере восточной Европы, на территориях лужицкой и поморской культур, в Висло-

Одерском регионе стало формироваться славянство в том виде, как его рассматривают историки последних 150 лет. В те славянские языки, на запад, были принесены архаизмы древнерусского языка, которые до того ушли на восток. Те же архаизмы древних русов вошли в образовавшиеся позже балтские языки, но, конечно, пришли не со стороны носителей N1c1, а со стороны R1a. Возможно, древние анты и были древними русами, дославянскими.

Среди южных славян была своя миграционная и языковая карусель. В те края прибыло много древних русов, которые заложили основы балканских славян. В I тыс. до н. э. это были в основном носители R1a, потому что I2a появились там в заметных количествах только в конце прошлой эры, а сейчас уже доминируют. Носителей R1a там сейчас относительно мало, и вопрос – куда же они делись? Видимо, это уже трагические страницы и главы истории балканских R1a, которые ходили по Малой Азии, защищали Трою, заселяли Пафлагонию, Лидию, стали венетами и совместно с северными R1a образовали венедов. Этногенез славян продолжался.

Такая предлагается картина, которая, конечно, открыта для конструктивного обсуждения и обоснованных модификаций.

Вопрос 86: **Откуда у таджиков и киргизов столь высокая доля гаплогруппы R1a?**

У таджиков – от древних ариев гаплогруппы R1a, мигрировавших по территории будущего Таджикистана между серединой III тыс и серединой II тыс до н. э., на пути в Индию с прибытием туда в середине II тыс до н. э. У киргизов – от скифов той же гаплогруппы R1a. Датировки общих предков гаплогруппы R1a у таджиков – 4650±545 лет назад, середина III тыс до н. э., у киргизов – между 1650 и 1100 лет назад, между 4 и 9 вв нашей эры.

Основных вариантов их происхождения два – древнеарийский (примерно 4600 лет назад, или середина III тыс до н. э.) и скифский (I тыс до н. э. – начало н. э.). Взглянем на датировки их гаплотипов.

В сети есть «Киргизский Проект FTDNA» (https://www.familytreedna.com/public/kirgiz/default. aspx?section=yresults). В нем 63 участника, каждый из которых прислал свои результаты тестирования Y-хромосомы, тест проводила компания FTDNA (Family Tree DNA). К сожалению, большинство участников Проекта имеют только 12-маркерные гаплотипы, и очень немногие имеют 67-маркерные. Всего двое определили 111-маркерные гаплотипы. Поэтому рассмотрим дерево 12-маркерных гаплотипов киргизов, для иллюстративной цели этого достаточно. Дерево гаплотипов строится с помощью профессиональной компьютерной программы PHYLIP 3.695 с преобразованием в программе MEGA6.

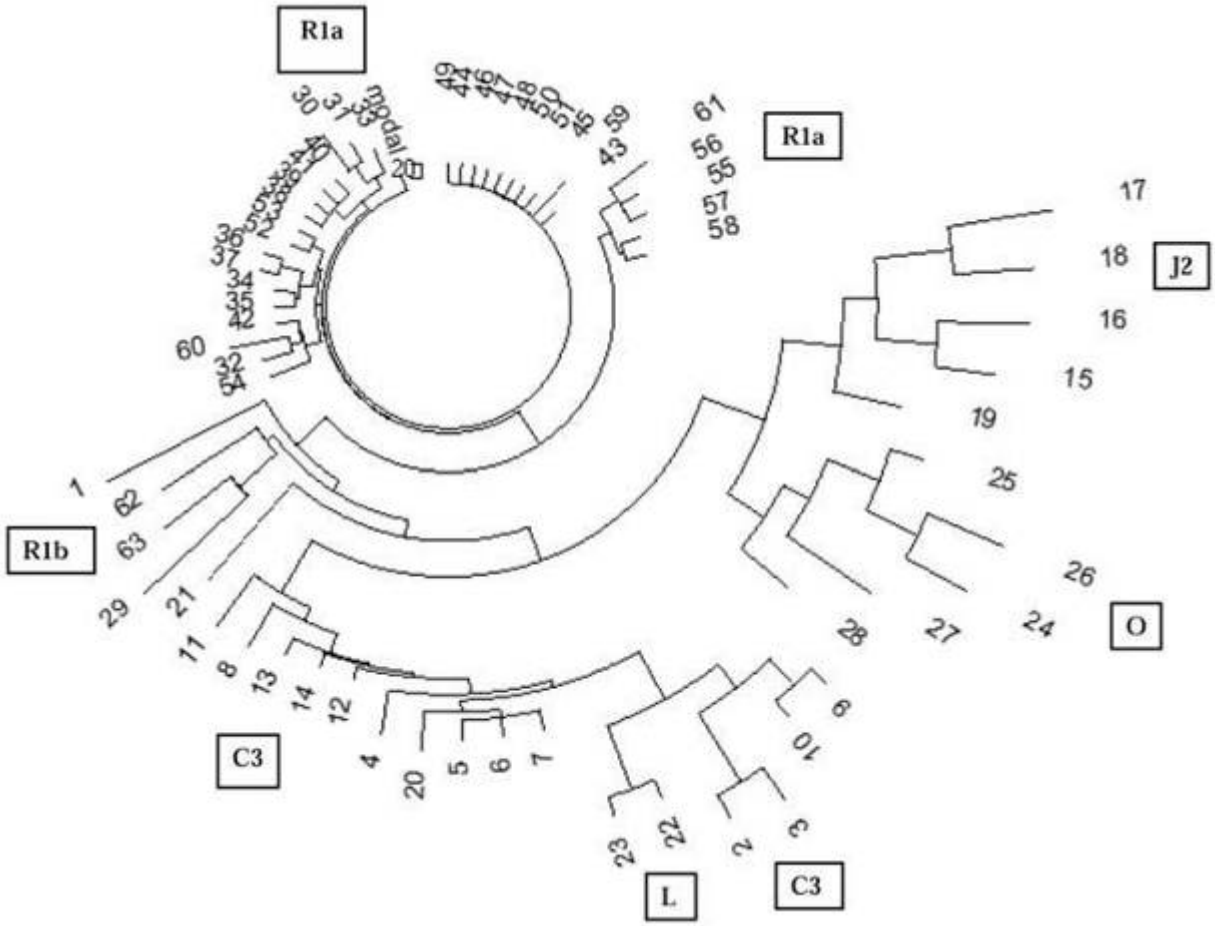


Рис. 24. Дерево 63 гаплотипов в 12-маркерном формате киргизского Проекта FTDNA. Построено по данным Проекта https://www.familytreedna.com/public/kirgiz/default.aspx?section=yresults.Указаны гаплогруппы отдельных ветвей.

Мы видим, что среди киргизов, во всяком случае, среди тех, кто сдал ДНК на анализ, наиболее представлены носители гаплогруппы R1a, их 32 человека из 63, то есть 51 %. На втором месте – носители гаплогруппы C3, их 14 человек, или 22 %. Носителей гаплогруппы O пять человек, то есть примерно 8 %. Остальные – единичные представители, которые могут быть случайные в составе киргизов. Это гаплогруппы J2, N1, R1b, I1. В состав данной выборки попали казахи (в Проекте они так и отмечены), и мы видим, что некоторые из них стоят особняком – это гаплотипы 19 (гаплогруппа Q) и 21 (гаплогруппа N), но некоторые относятся к киргизским популяциям (гаплотипы 20 и 50), то есть имеют то же родовое происхождение, что и киргизы. Основная группа R1a из 27 человек, гаплотипы которых образуют плотную ветвь в верхней части дерева, имеет общего предка, который жил 1300±280 лет назад. Соответствующие расчеты проведены выше в ответе на Вопрос 67. Они помещают общего предка киргизских R1a примерно в7-й век нашей эры, плюс-минус три века. Это скорее всего скифы-сарматы и их не очень удаленные потомки.

Мы видим, что на дереве есть еще одна небольшая ветвь из пяти гаплотипов гаплогруппы R1a, справа наверху, причем ветвь независимая, не выходящая из предыдущей. Ясно, что общий предок у обеих ветвей был, поскольку гаплогруппа одна и та же. Гаплотипы следующие:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 14 11 17
13 25 16 11 11 14 12 12 11 14 11 17
13 25 16 11 11 14 12 12 11 14 11 **18**
13 25 16 11 11 14 12 12 11 14 11 **18**

13 **26** 16 11 11 14 12 12 11 14 11 17

Линейный метод расчета дает всего 3/5/0.02 = 30 → 31 условных поколений, то есть 775±450 лет до общего предка, то есть общий предок этой ветви жил относительно недавно, по историческим критериям. По различиям базовых гаплотипов обеих подветвей можно рассчитать[99], что их общий предок жил примерно 1650 лет назад, то есть примерно в 4-м веке нашей эры. Это, наиболее вероятно, все те же скифы или сарматы. Но здесь ДНК-генеалогия должна согласовать свои предположения с исторической наукой, и либо ее дополнить, либо, напротив, откорректировать свои предположения.

В базе данных IRAKAZ есть девять 67-маркерных гаплотипов киргизов гаплогруппы R1a. Ясно, что статистика бедная, но сопоставить данные можно. Датировка их общего предка дала 1130±200 лет назад. В любом случае, это опять относительно недавние времена. Близкие датировки, примерно 1100 лет назад, оказались у равнинных киргизов гаплогруппы R1a из независимых выборок, у высокогорных киргизов датировки оказались еще более недавними[100].

Итак, датировки общих предков киргизов гаплогруппы R1a относительно недавние, середина-конец 1 тыс н. э. Это скифско-сарматские времена.

Принципиально другая ситуация – с датировками таджикских R1a. Ниже приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1a, потомков исторической Бактрии[101]. Ветвь справа вверху – в подавляющем большинстве пуштуны, субклад R1a-Z93-Z2124, датировка общего предка – 1790 лет назад, в начале нашей эры. Ни одного таджика среди них нет. Все таджикские гаплотипы находятся в значительно более древней ветви, которая занимает всю остальную часть дерева. То, что ветвь значительно более древняя, видно в сравнении с более плотной и низкой ветвью Z2124, а более плотная и более низкая – это более молодая ветвь, разнообразие гаплотипов сравнительно малое. Ветвь более раскидистая – значит, разнообразие гаплотипов больше, ветвь более древняя. Действительно, все 25 гаплотипов таджиков в раскидистой ветви имеют 275 мутаций, что дает 275/25/0.076 = 145 → 169 условных поколений, то есть 4225±490 лет до общего предка[102]. Это – времена исторических ариев. И язык их привлекать не нужно, здесь арии – древний род, который прошел по территории современного Таджикистана по пути в Индостан. Пуштуны – это значительно более недавняя ветвь арийского рода, как и киргизы.

---

99 http://www.smolensk.ru/user/sgma/MMORPH/N-45-html/cont.htm
http://www.smolensk.ru/user/sgma/MMORPH/N-45-html/klyosov/klyosov.htm

100 Клёсов, А.А. и Саидов, Х.С. Евреи и пуштуны Афганистана. Пропавшие колена израилевы: история, политика, и ДНК-генеалогия. М., Концептуал, 2015, стр. 361–363.

101 Там же

102 Там же



Рис. 25. Дерево 108 гаплотипов гаплогруппы R1a территории исторической Бактрии, в 39-маркерном формате. Справа вверху – пуштунская ветвь с единичными вкраплениями узбеков, туркмен и хазара, субклад R1a-Z93-Z2124, датировка общего предка 1050±160 лет назад. Все таджикские гаплотипы находятся в остальной, более древней, арийской части ветви, датировка их общего предка 4225±490 лет назад.

В целом среди 1023 гаплотипов с территории исторической Бактрии, расмотренных в книге[103] имеются 198 таджикских гаплотипов, из них максимальная доля приходится на гаплогрупу R1a (27 % от всех), на втором месте гаплогруппа J2 (15 %), на третьем – гаплогруппа C (8.1 %), остальные – относительно минорные доли из 13 гаплогрупп.

Вопрос 87: **Что Вы скажете про «выход современного человечества из Африки»? Никаких серьезных данных, которые обосновывали бы «выход анатомически**

[103] Там же

современного человека» из Африки, нет. Этот вопрос я подробно разбирал в целом ряде статей в журнале Advances in Anthropology, и повторю здесь несколько наиболее значимых соображений.

Во-первых, никаких весомых данных об этом у палеоантропологов нет. Нет никаких данных, что древние костные остатки, которые они находят в Африке, были костями предков наших современников. Ископаемых ДНК ни в одном случае в Африке не было выделено и, естественно, не изучено, так что их гаплогрупп мы не знаем. Пассажи в научной, и особенно в широкой печати о «Еве, матери всего человечества» откровенно дискредитируют науку, поскольку мы опять же не имеем ни малейшего понятия, что у «Евы» были потомки вообще, и выжившие потомки в частности и в особенности. Если объявляется, что человек вышел из Африки, он с таким же ровно успехом мог в нее придти. Строгий анализ скелетных остатков показывает, что Homo sapiens без значительных архаичных признаков (что выводит его из Homo sapiens) появляется в Африке только примерно 36 тысяч лет назад, в то время как в Европе найдены костные остатки Homo sapiens с датировкой уже 45 тысяч лет назад. Этот перечень можно продолжать долго, он далеко не исчерпан[104].

Далее, работы генетиков совершенно не показывают, что человек вышел из Афики. Всё, что они могут показать, это что геномы современных людей в Африке и вне Африке сходны, но это с таким же успехом может показать, что древний человек пришел в Африку со стороны. Геномные данные не «укоренены», и о происхождении ничего не говорят. Генетики по причинам, далеким от научных, интерпретируют свои данные исключительно в одну сторону – «из Африки», сопровождая их небылицами о том, каким именно путем они выходили и чем питались (такие небылицы рассказывает, например, ведущий генетик Института общей генетики РАН, хотя ее неоднократно на этом ловили за руку), хотя в геноме совершенно нет, каким путем они выходили и как питались. Датировки того, что человек якобы «выходил из Африки» 70 тысяч лет назад, никогда не имели под собой никакого научного основания, и на самом деле варьировались от 40 до 200 тысяч лет, ни в одном случае они не рассчитывались, а выставлялись «по понятиям». Это все подробно рассматривалось в работе[105].

В академической литературе за последние четверть века регулярно появляются утверждения о том, что африканские ДНК-линии «самые древние», хотя основания для того не приводятся. И понятно, почему не приводятся – их просто нет. На самом деле, если под «самыми древними» понимать цепочки снипов Y-хромосомы, то у всех мужчин на Земле, африканцев и неафриканцев, во всяком случае у всех, кто делал тест на ДНК, снип-цепочки Y-хромосомы по древности одинаковы. У всех эти цепочки снипов тянутся от общих предков с шимпанзе, орангутангом, гориллой, макакой и другими древними общими с нами предками. На рис. 4 приведена характерная иллюстрация этого положения, процитированная еще в 2012 году в журнале Advances in Anthropology[106]. Видно, что в 90 % случаев

---

104 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86; Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198–213; Klyosov, A.A. (2014) Reconsideration of the «Out of Africa» concept as not having enough proof. Advances in Anthropology, 4, No. 1, 18-37

105 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

106 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198–213.

нуклеотидные последовательности показанных фагментов Y-хромосомы совпадают. А у шимпанзе и человека совпадают 93 нуклеотида из 97, то есть в 96 %. Так что у всех нас ДНК-корни древние, и африканцы в этом отношении никак не выделяются.

Антропологи оценивают время расхождения линии будущего человека от линии будущего шимпанзе в 4–5 миллионов лет назад, это же повторяют и генетики, хотя поиски статей с конкретными расчетами результатов не дали. А вот результаты расчета с помощью автоматического калькулятора Килина-Клёсова[107]показали, что их общий предок жил примерно 4.2 миллионов лет назад (рис. 18), если считать по обобщенному гаплотипу, экстраполированному к древнему человеку, или 4.4 миллионов лет назад, без экстраполяции, сопоставляя гаплотипы современного человека и шимпанзе (рис. 26). 16-маркерный гаплотип шимпанзе был извлечен из геномной базы данных, как описано в статье в Adv. Anthropology[108], а в качестве обобщенного гаплотипа человека брался экстраполированный предковый гаплотип по всем неафриканским гаплогруппам, пересчитанный на времена 100 тысяч лет назад. Впрочем, можно было и не пересчитывать, вот – время до общего предка современных носителей гаплогруппы A00 и шимпанзе:



Рис. 26. Расчет времени до общего предка современного человека и шимпанзе по их базовым гаплотипам в «медленном» 22-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова. Калькулятор показывает 4 446 749 ± 1 398 148 лет до общего предка.

Оно равно 4.4±1.4 миллионов лет назад, что практически одинаково в пределах погрешности расчетов. Те же времена дают все основные гаплогруппы серии A, например, – A0a-150 имеет общего предка с шимпанзе 4.6±1.7 млн лет назад,

– A1b1-M32 (Чад и Турция) 4.3±.4 млн лет назад,

– A1b1-M32, M13 (Британия) 4.2±.4 млн лет назад, а также

– гаплогруппа B, 4.4±.4 млн лет назад.

Таким образом, в отношении «древних ДНК-линий» африканцы ничем от неафриканцев не отличаются. И те, и другие тянут свои ДНК-линии от общего предка с шимпанзе. И у тех, и у других цепочки снипов уходят на глубины в сотни тысяч и миллионы лет.

Если под «древними африканскими ДНК-линиями» популяционные и прочие генетики подразумевают древние времена жизни их общих предков, и полагают, что они намного более древние, чем у неафриканцев, то ситуация противоположная. Африканские предки группы A (популяций, субкладов) почти все совсем недавние. Возьмем, например, гаплогруппу A00, которая среди гаплогрупп считается самой древней. Да, для нее цепочка снипов насчитывает – по данным, приводимым YFull – 1684 снипов, что при 144 годах на снип (это число приводит YFull) дает 242500 лет от начала гаплогруппы. Действительно, YFull приводят близкий «возраст» A00, 235 тысяч лет. Но откуда эта цепочка снипов ведет – никто не знает. Может, из Африки, может, с Кавказа, может, из Сибири, может, из Европы – неизвестно. Почему-то считается, что именно из Африки. Но это опять «по понятиям», правда, откуда появившихся, непонятно. Древнейшие ДНК находили в Европе, на Русской равнине, в Сибири, а в Африке ни разу, правда, и исследований таких не было. Так откуда

---

107 Клёсов, *А.А.,* Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

108 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L., Ryanbchenko, L.E. (2012) Re-examining the Out-of– Africa theory and the origin of Europeoids (Caucasoids). Part 2. SNPs, haplogroups and haplotypes in the Y charomosome of Chimpanzee and Humans. Advances in Anthropology, 2, No. 4, 198–213.

эти «понятия» появились? А так, стиль попгенетиков.

Кстати, о возрасте гаплогруппы A00. Калькулятор КК дает для базовых гаплотипов A0 и A00 возраст общего предка (с округлением) 217000±87000 лет (рис. 17). Это – возраст A00 или немного старше. Так что датировка по снипам воспроизводится по гаплотипам в пределах погрешности расчетов.

Теперь об общих предках африканских популяций, субкладов группы A. Они почти все по времени очень мелкие, часто всего несколько сотен лет. Иногда – между 1000 и 2000 лет. Самые древние – примерно 5000–7000 лет. И опять – где эти предки жили, никто не знает. Взглянем на гаплогруппу A00. В литературе[109] описаны 11 гаплотипов в 95-маркерном формате (без 16 мультимаркерных гаплотипов) носителей гаплогруппы A00, все из племени Mbo из Камеруна, и еще один – афроамериканец этой же гаплогруппы. Расчетов в статье, конечно, нет. Все 11 гаплотипов содержат 29 мутаций, что дает 29/11/0.161 = 16 условных поколений, но с учетом того, что 45 аллелей (из 1045 аллелей) авторы определить не смогли, то до общего предка на самом деле 17 условных поколений, то есть 425±90 лет.

Итак, сама гаплогруппа A00 образовалась более 200 тысяч лет назад, причем неизвестно где, а общий предок носителей A00 из Камеруна жил примерно 425 лет назад. Если добавить к серии из Камеруна еще гаплотип афроамериканца той же гаплогруппы, который отличается от предкового гаплотипа камерунцев на 11 мутаций, то есть на 11/0.161 = 68 → 73 условных поколения, то есть на 1825 лет, то их общий предок, камерунцев и афроамериканца, жил примерно (425+1825V2 = 1125 лет назад.

Примеров недавних общих предков разных мужских популяций гаплогрупп класса A, которые сейчас живут в Африке, можно привести немало. В большинстве этих популяций гаплотипы или одинаковы или почти одинаковы, даже для протяженных гаплотипов. Взглянем на Проект FTDNA гаплогруппы A:

– В гаплогруппе/субкладе A0-V150 имеются два 25-маркерных гаплотипа, оба идентичны друг другу, то есть их общий предок жил не более 300–400 лет назад. Других гаплотипов в 25-маркерном формате или выше нет.

– В гаплогруппе A0a-L981 (L994, V148, V166) между двумя доступными 67-маркерными гаплотипами есть 8 мутаций, что помещает их общего предка на 900 лет назад.

– В гаплогруппе A0b-V166, L896 шесть 37-маркерных гаплотипов имеют общего предка 475±160 лет назад.

– В гаплогруппе A1a-M31 («европейский кластер») пять 37-маркерных гаплотипов имеют общего предка 1175±290 лет назад.

– В гаплогруппе A1a-M31 (все неизвестного происхождения) пять 37-маркерных гаплотипов имеют общего предка 1880±390 лет назад.

– В гаплогруппе A1a-M31 (из 18 гаплотипов – 14 неизвестного происхождения, два из Англии, один из Швейцарии, один Кейп Верде) все 37-маркерные, все имеют общего предка 730±130 лет назад.

– В гаплогруппе A1a-M31 («британский кластер») 19 гаплотипов в 67-маркерном формате имеют общего предка 740±120 лет назад.

В итоге, 50 гаплотипов в 37-маркерном формате четырех предшествующих серий (все A0a-M31) имеют общего предка 9270±970 лет назад. Но надо обратить внимание, что это четыре серии гаплотипов, разбросанные по разным континентам. Это – не одна «ДНК-линия», это – четыре разных ДНК-линии, с четырьмя общими предками, каждый «глубиной» от 700 до 1900 лет.

Таким образом, «древнейшие ДНК-линии в Африке» – миф, ничем не обоснованный. Ископаемых ДНК– нет, древних линий, как мы видим, нет, к тому же в Африке вовсе не гаплотипы группы A являются доминирующими. Доминирует гаплогруппа E1b; в Камеруне

---

[109] Mendez, F.L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K.R., Woerner, A.E., Fomine, F.L.M., Bradman, N., Thomas, M.G., Karafet, T.M., Hammer, M.F. (2013) An A^^n American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human y chromosome phylogenetic tree. Am. J. Hum. Genet. 92, 454–459.

и Чаде, и отчасти в Нигерии, доминирует гаплогруппа R1b, поэтому неудивительно, что Африке наблюдается «высокое генетическое разнообразие», только это не от древности, а от обилия носителей разных гаплогрупп, прибывших в Африку в разные времена. Да и вобще, как можно серьезно обращать внимание на «генетическое разнобразие» в открытых системах, какой является Африка? Тогда самым «генетически разнообразным» городом мира является, наверное, Нью-Йорк, но вряд ли кто будет серьезно утверждать, что Нью-Йорк – древнейший город мира. Кроме, наверное, популяционных генетиков, с их примитивными и бездумными критериями.

Откуда же появился этот миф о «древности африканских линий»? Датировок ведь их до последнего времени не было, да и датировки бывают, как мы убедились, нескольких видов – цепочек мутаций, уходящих далеко вглубь, до приматов; цепочек мутаций, ведущих к временам образования соответствующих гаплогрупп; и датировок общих предков современных носителей соответствующих гаплогрупп и субкладов. Ни одна из этих датировок не «укоренена» территориально, то есть мы не знаем, на какой территории, на каком континенте образовалась та или иная гаплогруппа. Мы можем только набирать сведения и складывать фрагменты общей картины, но Африка в этом отношении находится на одном из последних мест по накопленным знаниям. Но фантазий, натяжек и откровенных фальсификаций про них со стороны попгенетиков – хоть отбавляй.

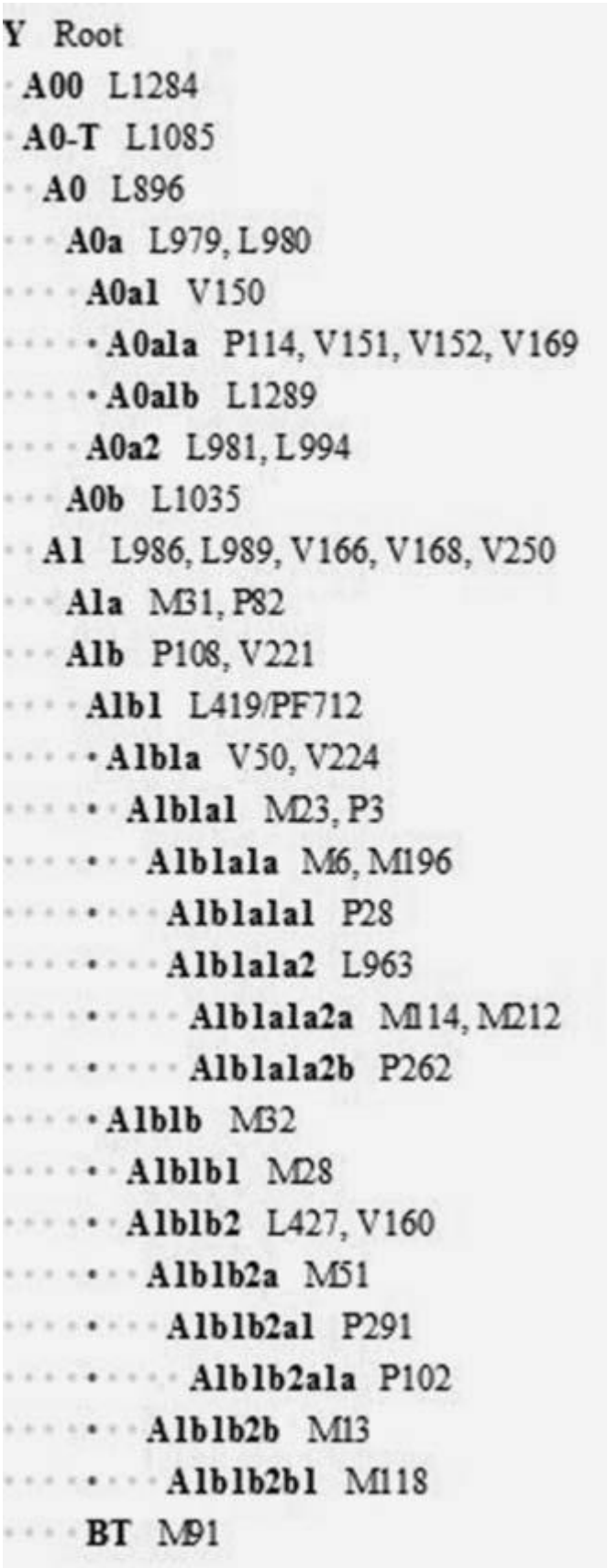
Собственно, это характерно для популяционных генетиков, но они уроки из принципиальных ошибок не извлекают. Еще не так давно они утверждали, что гаплогруппа R1b образовалась в Европе 30 тысяч лет назад, и сначала приняли в штыки, а потом напрочь игнорировали сведения и датировки ДНК-генеалогии, что R1b прибыла из Южной Сибири длинным миграционным путем в Европу примерно 4800 лет назад[110]. Называли это «псевдонаукой», особенно в этом усердствовали попгенетики Балановские. Разворот произошел в 2013 году, когда неподалеку от Байкала нашли ископаемую гаплогруппу R с археологической датировкой 24 тысячи лет назад. Лед тронулся, и попгенетики, не моргнув глазом, не повинившись и не цитируя статьи с датировками ДНК-генеалогии, стали повторять то, что уже было опубликовано нами несколько лет назад. Например, в недавней статье Batini, Jobling и других (2015)[111] датировки гаплогруппы R1b в Европе уже даются как R1b-L11 4510 лет (доверительный интервал 3920–5160 лет назад) и R1b-P312 4210 лет (доверительный интервал 3700–4790 лет назад). YFull дают датировки R1b-U106 4900 лет (доверительный интервал 4400–5400 лет назад), R1b-P312 4600 лет (для TMRCA, доверительный интервал 43005000 лет назад).

Посмотрим на схему гаплогрупп и субкладов группы A, приведенную согласно классификации ISOGG, в сокращенном виде:

---

110 Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256; Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

111 Batini, C., Hallast, P., Zadik, D., Delser, P.M., Benazzo, A., Ghirotto, S., Arroyo-Pardo, E., Cavalleri, G.L., de Kniff, P., Dupuy, B.M., Eriksen, H.A., King, T.E. et al (2015) Nature Communications, 6:7152, doi: 10.1038/ncomms8152.



В этой схеме – источник принципиальной путаницы попенетиков. Они не смогли увидеть и осознать, что эта лесенка субкладов представляет собой серию вилок, которые периодически расходятся на «африканские» (по сегодняшнему месту жительства) и неафриканские ветви. Опишем кратко эти вилки, а потом рассмотрим их подробнее – когда они образовались, и кто являются потомками субкладов по обе стороны тех вилок.

Итак, вилок всего четыре:

Первой от ствола, уходящего вглубь эволюционного дерева человечества (точнее, его Y-хромосомы), отходит вилка, знаменующая, видимо, начало *Homo sapiens* – расхождение на A00 и A0-T. Вторая – расхождение A0-T на A0 и Al. Третья – расхождение Al на A1a и A1b. Четвертая – расхождение A1b на A1b1 и BT.

Если упрощенно – то каждая вилка расходится на африканскую (по нынешнему месту жительства) и неафриканскую стороны. A00, A0, A1a и A1bl уходят в Африку, противоположные стороны вилки A0-T, A1, A1b и BT остаются вне Африки. «Упрощенно» – потому что вилка на A00 и A0-T образовалась еще до расхождения на африканцев и неафриканцев (это расхождение произошло примерно 160 тысяч лет назад), а впоследствии многие неафриканцы перебирались в Африку – это и многочисленные носители гаплогрупп E1b, J2, R1b, и так далее. Среди них – миллионы современных жителей Западной Африки (берберы, жители Камеруна и Чада), египтяне, потомки буров в Южной Африке, так далее. Немало жителей Европы и Ближнего Востока имеют гаплогруппу A1a. Да и вообще носителей группы A в Африке относительно мало – часто на уровне единиц процента или того меньше.

Рассмотрим вилки подробнее. **Первая вилка** – расхождение предшественника *Homo sapiens* (или *Homo sapiens* в начальной стадии, примерно 2зо тысяч лет назад) на гаплогруппы A00 и A0-T. Нисходящих субкладов от A00 пока не обнаружено, и ее нынешние носители обнаружены только в Африке в количестве ll человек (см. выше), с общим предком несколько сотен лет назад, а также несколько афроамериканцев с одинаковыми гаплотипа-ми. Снипы гаплогруппы A0-T, напротив, имеются у всех неафриканцев, хотя только у мужчин. И, разумеется, у всех африканцев, носителей гаплогрупп E1b, J2, Rlb, B и других, которые прибыли в Африку относительно недавно. Но помимо них, снипы группы A0-T должны быть и у всех африканцев, носителей групп A, потому эти снипы предшествуют разделению африканских и неафриканских линий (примерно 160 тысяч лет назад). Впрочем, речь идет о промежуточных снипах в цепочках наших и африканских снипов, носителей A0-T как терминальных снипов пока ни у кого не выявлено, ни в Африке, ни вне Африки. Поэтому называть его «африканским» никакого смысла не имеет.

К тому, что у всех мужчин есть множество снипов гаплогруппы A0-T – ниже приведен список части из 587 снипов этой гаплогруппы, из которых у меня есть L1090, L1121, L1124, L1125, L1127, L1235 и многие другие:

Мой список снипов BigY

CTS10042, CTS10627, CTS10834, CTS10847, CTS10976,
CTS10993, CTS11148, CTS11184, CTS11411, CTS11468, CTS11530,
CTS1169, CTS11720, CTS11734, CTS11853, CTS11913, CTS11948,
CTS12010, CTS1211, CTS1277, CTS1278, CTS12947, CTS12972,
CTS1340, CTS1367, CTS1415, CTS1416, CTS1417, CTS1419, CTS1422,
CTS1619, CTS1738, CTS1795, CTS1907, CTS2134, CTS262, CTS2626,
CTS2636, CTS2637, CTS2638, CTS2639, CTS2663, CTS 2680,
CTS2891, CTS2988, CTS2992, CTS3067, CTS3075, CTS3229,
CTS3230, CTS3231, CTS3316, CTS3321, CTS3358, CTS3402,
CTS3441, CTS3527, CTS3534, CTS3548, CTS3551, CTS358, CTS3607,
CTS3622, CTS3649, CTS3650, CTS3654, CTS3697, CTS3775,
CTS3848, CTS3943, CTS3984, CTS4259, CTS4465, CTS4862,
CTS501, CTS5287, CTS5423, CTS5454, CTS5508, CTS5577, CTS5648,
CTS570, CTS5936, CTS5979, CTS623, CTS6918, CTS6985, CTS7191,
CTS7275, CTS7278, CTS7400, CTS7500, CTS7650, CTS7659,
CTS7941, CTS8008, CTS8127, CTS8350, CTS8507, CTS8508,
CTS8591, CTS8626, CTS8665, CTS8797, CTS8816, CTS8896,

CTS9018, CTS903, CTS9108, CTS9510, CTS9515, CTS9539, CTS9596, CTS9733, CTS9739, CTS9754, CTS9779, F1050, F1209, F1224, F132, F1586, F184, F185, F2957, F3032, F313, F3159, F3166, F3185, F3194, F3197, F3337, F3561, F3564, F3644, F3650, F3692, F4099, F686, F719, F773, F82, F937, F989, IMS-JST002612, IMS-ST022448_3, IMS-ST022448_6, IMS-ST022449_3, IMS-ST022449_6, IMSST022451_2, K511, L1002, L1004, L1005, L1009, L1013, L1028, L104, L105, L1053, L1060, L1061, L1062, L1067, L1071, L108, L1089, L1090, L1095, L1098, L1099, L110, L1101, L1105, L1112, L1116, L1118, L112, L1120, L1121, L1123, L1124, L1125, L1127, L1129, L113, L1132, L1135, L1136, L1137, L114, L1142, L1143, L1145, L1150, L1155, L1179, L1185, L1120, L1225, L1235, L132, L1346, L1347, L1352, L1480, L1492, L15, L16, L168, L248, L268, L313, L350, L352, L413, L418, L438, L440, L449, L457, L468, L469, L498, L543, L58, L604, L721, L74, L741, L747, L76, L760, L768, L777, L779, L781, L819, L82, L821, L851, L875, L882, L962, L969, L970, L977, L986, L989, M168, M173, M198, M207, M213, M235, M251, M294, M299, M306, M417, M42, M420, M448, M449, M45, M459, M511, M512, M513, M514, M515, M516, M526, M74, M89, M9, M94, P108, P128, P131, P132, P133, P134, P135, P136, P138, P139, P14, P140, P141, P143, P145, P146, P148, P149, P151, P157, P158, P159, P160, P161, P163, P166, P187, P19_1, P207, P224, P225, P226, P228, P229, P230, P231, P232, P233, P234, P235, P236, P237, P238, P239, P242, P243, P244, P245, P27.1_2, P280, P281, P282, P283, P284, P285, P286, P294, P305, P316, PAGES00026, PAGES00081, PAGES00083, PF1345, PF1378, PF1389, PF1396, PF1402, PF1403, PF1405, PF1407, PF1408, PF1411, PF1412, PF1414, PF1415, PF1418, PF1419, PF2589, PF2590, PF2591, PF2608, PF2610, PF2611, PF2614, PF2615, PF2616, PF2619, PF2620, PF2621, PF2622, PF2626, PF2629, PF2631, PF2634, PF2635, PF2637, PF2640, PF2642, PF2647, PF2651, PF2653, PF2658, PF2660, PF2683, PF2685, PF288, PF2690, PF2694, PF2695, PF2700, PF2709, PF2716, PF2718, PF2722, PF2723, PF2729, PF2731, PF2732, PF2736, PF2737, PF2739, PF2742, PF2747, PF2748, PF2749, PF2752, PF2753, PF2754, PF2755, PF2756, PF2757, PF2758, PF2770, PF2772, PF2988, PF349, PF3494, PF3495, PF3496, PF3497, PF3500, PF4522, PF5459, PF5469, PF5477, PF5483, PF5488, PF5490, PF5498, PF5500, PF5503, PF5513, PF5861, PF5862, PF5863, PF5864, PF5869, PF5870, PF5871, PF5872, PF5876, PF5881, PF5882, PF5885, PF5886, PF5888, PF5889, PF5895, PF5908, PF5911, PF5914, PF5916, PF5919, PF5920, PF5936, PF5940, PF5943, PF5944, PF5945, PF5949, PF5951, PF5953, PF5954, PF5955, PF5956, PF5957, PF5958, PF5964, PF5965, PF5967, PF5970, PF5971, PF5975, PF5978, PF5980, PF5981, PF5982, PF5984, PF5985, PF5991, PF6013, PF6016, PF6047, PF6054, PF6056, PF6057, PF6066, PF6069, PF6071, PF6072, PF6073, PF6114, PF6116, PF6118, PF6121, PF6132, PF6133, PF6143, PF6153, PF6156, PF6158, PF6159, PF6160, PF6162, PF6163, PF6165, PF6168, PF6169, PF6170, PF6172, PF6179, PF6181, PF6194, PF6195, PF6201, PF6204, PF6211, PF6212, PF6213, PF6214, PF6215, PF6216, PF6217, PF6218, PF6220, PF6222, PF6230, PF6231, PF6233, PF6512, PF682, PF7514, PF7522, PF7527, PF7530, PF7531, PF7532, PF7534, PF7540, PF7542, PK1, PR1220, PR202, PR2119, PR5761, PR855, rs161492_1, V221, V238, V241, V250, Y2902, Y32, Y33, Y34, Y36, Y783.2, YSC0000057, YSC0000077, YSC0000081,

YSC0000107, YSC0000108, YSC0000109, YSC0000110,
YSC0000193, YSC0000350, YSC0000913, Z1331, Z280, Z282, Z5997,
Z6030, Z6032.

Фрагмент из списка снипов гаплогруппы A0-T



Понятие «вилка» не стоит понимать буквально, A00 и A0-T могли образоваться с разницей в десятки тысяч лет. По данным YFull, до начала A00 насчитывается 1684 снипа, до начала A0-T -587 снипов, но возраст обеих гаплогрупп почему-то выставлен как одинаковый, 235 тысяч лет назад. На такую повторяющуюся «дихотомию» в презентации данных YFull мы уже обращали внимание выше. В любом случае искать у нас, неафриканцев, снипы гаплогруппы A00 бесполезно, нет их у нас, ни одного из тех 1684 снипов. Но важно то, что A0-T образует очередную вилку, на гаплогруппы A0 и A1.

Вторая вилка – расхождение A0-T на A0 и A1. Потомки A0 сейчас живут в Африке, потомки A1 – подавляющее большинство читателей этой книги. У всех нас в цепочках снипов есть снипы субклада A1 (см. ниже), но это опять не значит, что наши предки вышли из Африки. Это опять промежуточные снипы, и никого с терминальными снипами A1 пока не выявлено, ни в Африке, ни вне Африки. Поэтому называть его «африканским» никакого смысла тоже не имеет. Но здесь важнее то, что A0 – это «африканская» гаплогруппа (опять по нынешнему месту жительства), а A1 – неафриканская. На схеме выше показано семь субкладов гаплогруппы A0, и снипов никаких из них у нас, кроме носителей гаплогруппы A0, нет, а снипы гаплогруппы A1 есть у нас всех (я не буду больше повторять, что это относится к обладателям Y-хромосомы, то есть к мужчинам, и что подавляющее большинство читателей это книги относится к неафриканцам, потомкам гаплогруппы BT, которые не перебрались на жительство в Африку).

Повторю, что «африканских» снипов A0 у нас нет, можно не искать, нет ни одного из 899 тех снипов. Не выходили наши предки из Африки, или во всяком случае не являются потомками ни A00, ни A0.

Надо сказать, что в Африке носителей гаплогруппы A0 обнаружено немного. Scozzari et

al[112] указывали, что только после долгих поисков нашли трех (!) носителей гаплогруппы A0, все в Камеруне, и отмечали, что эта гаплогруппа имеет в Африке очень низкую частоту встречаемости.

Ниже приведен список из 62 снипов гаплогруппы A1, из которых у меня есть L986, L989, L1002, L1009, L1112, V238, V241, V250. Остальных нет потому, что не все снипы у каждого определяются.

Список снипов гаплогруппы Al

YP3854 * L986 * L1084 * YP3862 * V241 * YP3850 * YP3863 * YP3855 * V238 * YP3843 * YP3857 * L989 * YP3841 * YP3860 * YP3848 * YP3856 * YP3867 * YP3846 * YP3866 * YP3868 * YP3842 * YP3853 * V250 * Z8834 * V168 * A4825/YP3861 * L1112 * A4826/YP3865 * A4739/YP3847 * Y13320 * L1004 * YP3859 * L1005 * L1002 * YP3845 * YP3852 * L1009 * YP3851 * YP3858 * YP3840 * Z8830 * A4698/YP3839 * Z9116 * A4733 * V174 * YP3849 * L985 * Z8743 * YP3844 * Z9582 * A4709/Y13318 * Y14726 * Z8529 * A4719 * V171 * Z9045 * Y13319 * Z9072 * Z9656 * V161/V161.1/V161.2 * Y1459 * M9072

Третья вилка – расхождение A1 на A1a и A1b. Потомки A1a сейчас живут в Африке и по всему миру (в частности, в ряде европейских стран и на Ближнем Востоке). Снипы A1b есть у всех нас, неафриканцев. Но это опять не значит, что наши предки вышли из Африки. Это опять промежуточные снипы, и никого с терминальными снипами A1b пока не выявлено, ни в Африке, ни вне Африки. Поэтому называть его «африканским» опять никакого смысла не имеет.

Хотя носители гаплогруппы A1a разбросаны по всему миру (поэтому в любом случае это не «африканская» гаплогруппа, даже по такому условному критерию, как современное место жительства), их мало. И.Р. Рожанский приводил в своей статье *«Африканцы на севере Европы. Африканцы ли?»* [113], что гаплогруппа A1a-M31 чрезвычайно редкая, и даже в Африке ее наличие исчисляется в лучшем случае 4.4 % (в Западной Африке – Гвинея-Бисау, Гамбия, Сенегал, Мали, Нигер, Марокко), и 0.4 % среди афроамериканцев. Этому же вторит статья Scozzari et al.[114], что им удалось найти в Африке для геномных иследований только двоих (!) носителей A1a-M31.

Ниже приведен список из 44 снипов гаплогруппы A1b, но в той системе, которую использует YFull. В класификации ISOGG в гаплогруппе A1b насчитывается 47 снипов, и ни один не пересекается по индексам с приведенными ниже. Из этих 47 снипов у меня есть L989, L1009, L1013, L1053, P108, V221. Остальных нет, потому что, как указывалось выше, не все снипы у каждого определяются.

Список снипов гаплогруппы A1b
(согласно классификации, используемой YFull)

---

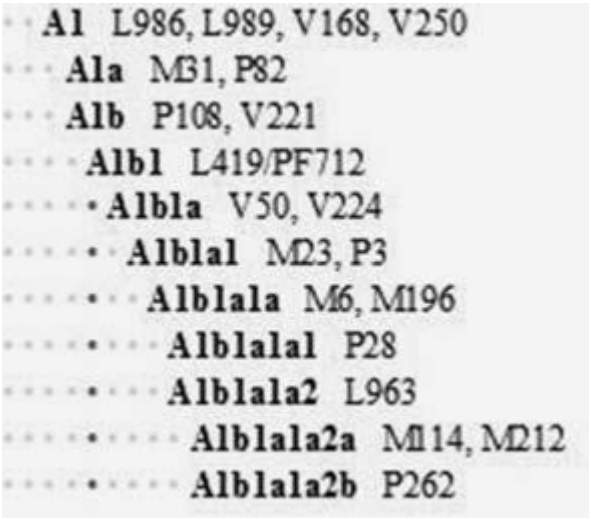
112 Scozzari, R., Massa1a, A., D'Atanasio, E., Myres, N.M., Perego, U.A., Trombetta, B., & Cruciani, F. (2012) Molecular dissection of the basal clades in the human Y chromosome phylogenetic tree. PLoS ONE, 7, Article ID: e49170. http://dx.doi.org/10.1371/journal

113 http://pereformat.ru/2015/05/afrikancy-na-severe-evropy/

114 Scozzari, R., Massa1a, A., D'Atanasio, E., Myres, N.M., Perego, U.A., Trombetta, B., & Cruciani, F. (2012) Molecular dissection of the basal clades in the human Y chromosome phylogenetic tree. *PLoS ONE, 7,* Article ID: e49170. http://dx.doi.org/10.1371/journal

Y8291 * Y8292 * Z11900/Y8277 * Y8295 * Y8301 * Y8293 * Y8294 * Y8279 * Y8300 * Y8302 * Y8297 * Y8290 * Y8289 * Y8288 * Y8281 * Y8280 * Y8296 * Y8283 * Y8287 * Y8299 * P108 * Y8303 * Y8894 * Y8284 * Y8286 * Y8282 * Y10844 * Y10840 * Y10877 * Y10863 * Y10870 * Y10883 * Y10864 * Y10856 * Y10882 * Y10848 * Y10854 * Y10865 * Y10860 * Y10850 * Y10857 * Y9420 * Y10869 * Y8298

И вот здесь снипы гаплогруппы A1b приоткрывают загадку. Воспроизведем еще раз фрагмент лесенки снипов гаплогруппы A1:



Мы видим, что от нее вилкой отходят субклады A1a и A1b. Мы уже узнали, что A1a встречается в Европе, на Ближнем Востоке, в Африке, причем нет никаких данных, что он изначально был африканским. Субклад A1b встречается у всех неафриканцев как промежуточный, в цепочке снипов. Субкладов, нижестоящих от A1b, а это A1b1, A1b1a, A1b1a1, A1b1a1a, A1b1a1a1, A1b1a1a2, A1b1a1a2a, A1b1a1a2b – у неафриканцев нет, возможно, потому, что параллельно с A1b1 образовался субклад BT (по даным YFull примерно 126 тысяч лет назад), и A1b1 ушли в Африку, а BT остался вне Африки. То есть у неафриканцев имется основная линия A1b > BT, и потомки ее составляют все гаплогруппы от B до T. И вдруг выясняется, что нижестоящая линия, в субкладе A1b1a1-M23, P3, обнаружилась в Южной Африке среди носителей кой-санских языков. Но это – довольно далекий по цепочке вниз субклад, который, по-видимому, отошел от неафриканцев в древние времена. Иначе говоря, не неафриканцы отошли от африканцев, а наоборот, африканцы отошли от неафриканцев, мигрировав в Африку. Опять – не выходили наши предки из Африки. Было наоборот: современные африканцы – потомки неафриканцев.

Четвертая вилка – расхождение A1b на A1b1 и BT. A1b1 и нисходящие субклады считаются африканскими – по нынешнему месту проживания его носителей, хотя родительская гаплогруппа A1b (как промежуточный субклад в цепочке снипов) насчитывает не менее 2–3 миллиардов неафриканцев, а нижеследующие субклады от A1b1 и ниже – обнаружены всего у нескольких африканцев. Вот и считайте, кто от кого произошел. Ответ ясен – африканцы от неафриканцев. Повторю – не выходили наши предки из Африки.

Итак, потомки A1b1 сейчас живут в минимальном количестве в Африке, а потомки гаплогруппы BT – это все неафриканские гаплогруппы от B до T. По данным YFull, к к A1b1 ведут всего 26 снипов, к субкладу A1b1a ведут всего 2 снипа, к A1b1a1 – 11 снипов, ни одного из них у нас нет. Датировок ни к одному из нисходящих от A1b1 субкладов в списке YFull нет, и понятно, почему – их носители крайне редко встречаются, да и данных нет.

Снипы BT есть у всех нас, мужчин, читателей этой книги.

Список снипов гаплогруппы A1b1

(согласно классификации, используемой YFull)

M11771 * L419/PF712 * Y7119 * V2755/M246/M11766 * M9044 * M9386/PF1260 * PF776/M11770 * V3248/M11768 * M11783 * PF843/M11775 * PF689/M11765 * M11751 * PF1176 * PF626 * PF1275 * Z11975/M11759 * PF1123 * PF338 * PF327/M11757 * PF713 * PF468 * PF622 * Z12032/M11767 * Y7625 * M11784 * PF1117

К сводной гаплогруппе BT ведут 403 снипа, и многие из них есть у нас. У гаплогрупп категории A их, естественно, нет. Ниже приведен частичный список снипов сводной гаплогруппы BT. Как уже отмечалось, многие из них есть у каждого неафриканского мужчины. У меня есть, например, L418, L604, L962, L970, L977, PF1408 и другие.

Фрагмент из списка снипов гаплогруппы BT
(приведены 166 снипов из 403)

V2352/L1062/PF302 * M9046/PF324 * L604/PF1243 * L970/PF1065 * M9334 * M9292/PF995 * M9039 * V3002/M9140 * M9095 * V29/PF1408 * V3998/M9288/PF985 * V2167/M9026 * M9389 * V4007/M9289/PF988 * M9270/PF952 * V3297/M9255/PF925 * M9036/PF308 * L977 * V1506/M9005 * M9209 * M9188 * M9356 * V4201/M9297/PF1003 * M9246 * M9239 * M9238 * M9331/PF1057 * V1456/M9000 * M9223/PF865 * M9098 * M9193 * M9328/PF1053 * M9146 * V4025/M9291 * M9045 * V2952/M9137 * M9321/PF1045 * V1813/M9019/PF286 * M9315/PF1033 * PF601 * M9359 * M9248 * M8960/PF200 * M9372 * M9016 * V3032/M9142/PF731 * V2507/M9038/PF313 * M9305/PF1022 * M8972 * V2000/M9025 * V3304/M9257 * S1572/M9174 * M9002/PF267 * M9311/PF1030 * M9105 * M9115/PF687 * V1530/M9008 * M9365/PF1218 * V3107/M9148/PF744 * V3546/M9265 * M9406 * M9049 * SRY10831/PF6234/PAGE65.1/SRY1532.1/SRY10831.1 * M8986 * M9346 * M9182 * V4130/M9295/PF1000 * M9069/PF635 * V3063/M9145/PF733 * M9404 * M9347 * V3636/M9269 * M9001 * M8970/PF208 * M9405 * M9284 * M9199/PF834 * V3916/M9283/PF973 * V2209/M9028/PF298 * M9169 * V2656/PAGES00081/M9118 * M9187 * M9393 * V2318/M9030 * V1561/M9009 * V2634/M9117 * M9408/PF1296 * V2804/M9124/PF701 * M9300 * M9366 * V2437/M9034 * M8988 * M9397 * L962 * M9398/PF1279 * M9326 * M9027 * M9057 * V1730/M9017/PF282 * M9325/PF1052 * M9317 * M9156/PF764 * M9361 * M9196 * M9375 * V1015/M8947 * M9327 * M9041/PF319 * M9380/PF1256 * M9129/PF707 * M9394/PF1271 * M9302 * M9189 * M9054 * Z11946/M8967 * M9280 * V3357/M9262/PF932 * M9352/PF1100 * M9319 * M9245 * M9076 * M9240/PF896 * M8976/PF215 * M9139 * V2319/M9031 * V2561/M9110/PF684 * Z12093/V4213/M9298 * M9232/PF880 * M9128 * M9376 * M9236 * M9116/PF688 * M9173/PF794 * M9135 * M9349 * M9258 * M9338/PF1064 * M9266/PF946 * M9348/PF1093 * L1220/M9212 * M9215/PF847 * M9083 * M9373 * M9163/PF777 * V2397/M9032/PF304 * L418 * V1347/M8994 * M8952 * M9399/PF1283 * M8951 * M8979/PF226 * L1060/PF1021 * V64/PF1412 * M9231/PF876 * V3226/M9152 * M9293/PF997 * M8985/PF232 * M9210 * M9204 * M9066 * M9068 * M9180 * M9077 * P97 * M9111 * M9296 * M9015 * M9341/PF1072 * M9200/PF835 * M9123 * M9104/PF680 * M9369 * M9260 * M9176 * M9235/PF886 * M9220 * M8980/PF229 * M9344 * M9165 * L957 * M9141 * M9254 * M9198 * M9340 * M8957 * M9263 * A5289/M9421 * A5288/M9420 * M9159/PF767 * M9411/PF1315 * M9410 * M9409/CTS12197/PF1314 * M9021/PF288 * M9070 * M9301/PF1015 * M9138 * M9360 * M9237/PF890 * M9195 * PF1406/V102 * V235/PF1410 * M9396 * M9286 * M9050 * Y8489 * Z17343/L978/PF93 * Z17371/Y8487 * M9368 * M9103/PF679 * M9191 * Y8488 * M139 * M91 * M9242/PF899 * M9224 * M9094/PF671 * M9244 * M9285 * Y15547 * M9251/PF913 * M9087 * M9318/PF1039 * M9100 * Y10876 * M9343/PF1084 * M8955/PF12 * M9303 * Z17365/Y10859 * M9011 * M9216 * M9225/PF868 * Y10866 * M8959/PF198 * Z17345/Y10872 * M9382/PF1257 * Z17357/Y10871 * M9290/PF989 * M9213 * Z17339/Y9393 * M9362 * Z17372/Y10862 * M9249 * Y10851 * Y10888 * M9112 * PAGES00024/M9160 * Z17346/Y10889 * Z17348/Y10880 * Y10884 * Y9449 * M9219/CTS7503 * M9202 * M9312 * Y10843 * Y10873 * Z17362/Y10885 * Z17342/Y9452 * M9412 * V202/PF1404 * Z17337/Y9417 *

* * *

Итак, ответ на поставленный вопрос безоговорочно показывает, что «африканские ДНК-линии» совсем не древние, в противовес тому, чем нас пичкают популяционные

генетики уже 30 лет. Если вести «древность» от общих предков с приматами, то африканские линии ничем не отличаются от неафриканских, имеют одну и ту же глубину. Если считать от времени жизни общих предков современных мужских популяций – по племенам или по территориям, то африканские ДНК-линии весьма мелкие, намного мельче, чем неафриканские. Если считать от образования гаплогрупп, то никто не знает, на каких территориях или континентах они образовались, поэтому присваивать им названия «африканские» – некорректно. Более того, носителей этих гаплогрупп, категории А, в Африке очень мало. К этому могут быть разные причины – прошли бутылочные горлышки популяции, вымерли, или прибыли в Африку относительно недавно – большого значения не имеет, они не «древние», в том смысле, который вкладывают попгенетики.

Вопрос 88: **Кто является общим предком неафриканцев, и когда он жил?**

Нам пока известно только, что общий предок всего неафриканского человечества жил 64000±6000 лет назад. Его гаплогруппа по современной номенклатуре называется BT, или бета-гаплогруппа. Где именно он жил – пока неизвестно. Как варианты можно рассматривать Европу, Ближний Восток, Южную Сибирь.

Итак, нет в Африке «древних ДНК-линий». Но есть такое понятие, как совокупные ДНК-линии. Это тогда, когда сами ДНК-линии по глубине мелкие, но они – ошметки древних раскидистых деревьев гаплогрупп и субкладов. Мы видим только верхушки, но экстраполяция верхушек, в данном случае гаплотипов этих «ошметок», позволяет увидеть, когда жили общие предки этих разбросанных гаплотипов. Мы уже видели это выше – сравнение гаплотипов «мелких» популяций гаплогрупп A00 и A0 показывает, что они расходятся на астрономические расстояния. Сами «ошметки» имеют общих предков всего несколько сотен лет назад, но они расходятся на полмилиона лет, и отсюда следует, что их общие предки жили около 250 тысяч лет назад. В этом отношении африканские ДНК-линии отличаются от неафриканских. Рассмотрим это подробнее, в этом упрятана одна из основных загадок человечества.

Загадка была впервые сформулирована в 2012 году[115], в журнале Advances in Anthropology, то есть «Успехи антропологии». Суть ее состояла в том, что все ДНК-линии современных гаплогрупп от B до T, то есть неафриканских гаплогрупп, сходятся к общему предку, который жил 64000±6000 лет назад, хотя разрозненные линии африканских (по нынешнему месту жительства) гаплогрупп сходятся к общему предку 132 тысяч лет назад (сами разрозненные линии датируются временами жизни общих предков всего лишь 5500, 5000 и 600 лет назад). При этом все неафриканские линии (включая гаплогруппу B) отстоят исключительно далеко от африканских линий, ясно показывая, что неафриканские линии не могли произойти от африканских. Например, базовые гаплотипы гаплогрупп A0 и B отстоят друг от друга на 270 тысяч лет (между ними 18 мутаций в «медленных» 22-маркерных гаплотипах; для сравнения, базовые гаплотипы R1a и R1b отстоят друг от друга всего на 8 мутаций, то есть примерно на 54 тысячи лет, и это помещает их общего предка на 27 тысяч лет назад).

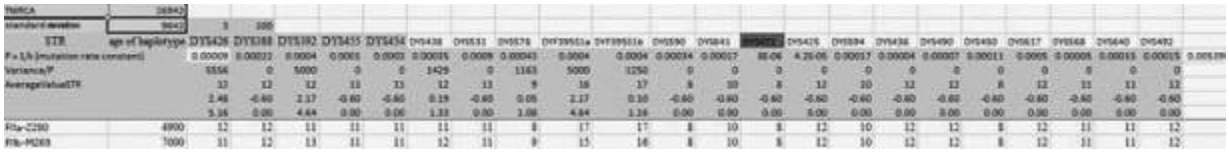


Рис. 27. Расчет времени до общего предка гаплогрупп R1a и R1b по их базовым гаплотипам в «медленном» 22-маркерном формате на калькуляторе Килина-Клёсова.

115 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

Калькулятор показывает 26942±9642 летдо общего предка.

Ясно, что если между гаплогруппами A0 и B 270 тысяч лет, то вторая никак не могла образоваться от первой в течение всего периода существования *Homo sapiens,* не говоря о 70 тысячах лет назад, которые попгенетики отводят для времени образования гаплогруппы B из A. Это аналогично примеру выше для R1a и R1b, в котором 54 тысячи лет расстояния между ними никак не могут допустить, что одна образовалась из другой; они обе образовались от одного общего предка, которым в данном случае являлась гаплогруппа R1.

Гаплогруппа A0, далеко отстоящая от гаплогруппы B, здесь не исключение. Подобные огромные расстояния отделяют гаплогруппу B от любых гаплотипов в субкладах категории A, например, 250 тысяч лет от Aoa-L981, 280 тысяч лет от Aib-M32, 310 тысяч лет от европейского кластера гаплогруппы A1a-M31, 360 тысяч лет от другого кластера той же гаплогруппы, 320 тысяч лет от арабского кластера той же гаплогруппы, 350 тысяч лет от A0a-V150, 356 тысяч лет от A0a-L979, 346 тысяч лет от A0a1a-V151, и так далее. Самое большое расстояние отделяет гаплогруппу B от A00 – 450 тысяч лет, то есть их общий предок жил примерно 225 тысяч лет назад, на утренней заре *Homo sapiens.*

Такая же картина наблюдается и для гаплотипов всех гаплогрупп от B до T. Например, растояние от гаплогруппы C до A0-L896 составляет 357 тысяч лет, до A0a1-V150 – 300 тысяч лет, и так далее. Но расстояние от B до C составляет всего 120 тысяч лет, то есть их общий предок жил примерно 60 тысяч лет назад. Это находится в полном соответствии с картиной, что гаплогруппа B образует единый кластер с гаплогруппами от B до T, и не является по происхождению «африканской» гаплогруппой.

Таким образом, гаплогруппа B не образовалась из какой-либо гаплогруппы категории A (поскольку нет гаплогруппы A как таковой, есть A00, A0-T, A0, A1, A1a, A1b и так далее), а все они ведут свое начало от общего предка. Этот общий предок жил примерно 160 тысяч лет назад, как показано в упомянутой выше статье[116]. Если исходить из датировок, приведенных на сайте YFull, то основатели гаплогрупп A00 и A0-T жили раньше этого времени, причем гаплогруппа A00 осталась в известном смысле тупиковой, нисходящие от нее субклады и прочие ДНК-линии неизвестны. A0-T прошла своими снипами как к африканцам, так и к неафриканцам, как показано выше, поскольку образовалась еще до разделения на африканскую и неафриканскую ветви. Разделение на эти ветви соответствует временам непосредственно до образования гаплогрупп A0 и A1, причем A0 ушла в Африку, A1 осталась вне Африки. Впоследствии носители многих гаплогрупп мигрировали в Африку, например, A1a и нижестоящие субклады, A1b1 и нижестоящие субклады, поэтому их снипов у нас нет, как описано выше.

116 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

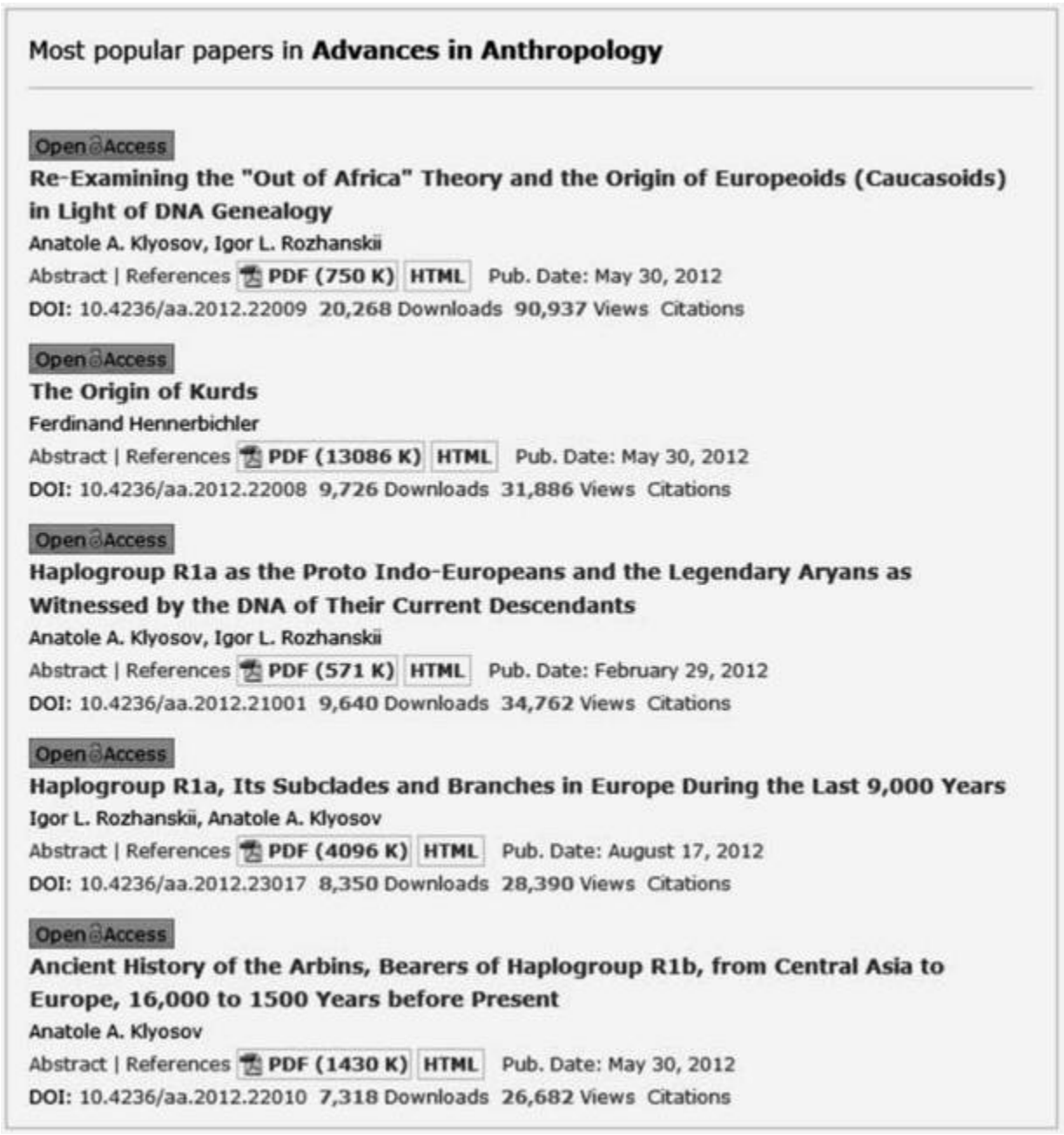


Рис. 28. С сайта журнала Advances in Anthropology по состоянию на 3 ноября 2015 года

Все это описано в целом в упомянутой выше статье[117], которая, кстати, набрала рекордное количество просмотров (более 90 тысяч) и скачиваний (более 20 тысяч), но академическое сообщество предпочло ее не заметить. Слишком многое она меняет в представлениях (рис. 28).

Основная иллюстрация в той статье следующая:

117 Там же

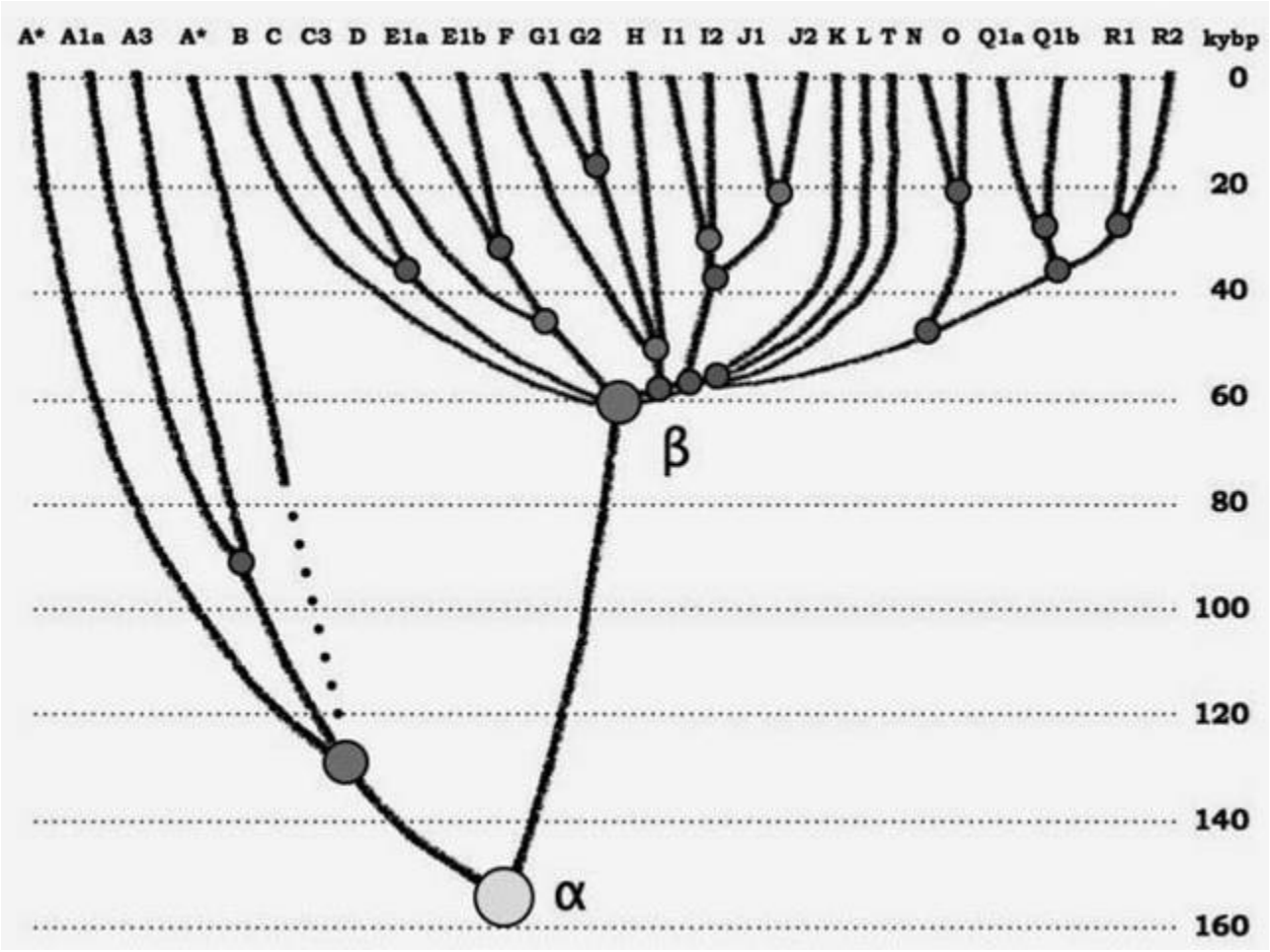


Рис. 29. Диаграмма эволюции гаплогрупп современного человечества. На горизонтальной оси – основные гаплогруппы Y-хромосомы человечества, на вертикальной – абсолютная шкала времени. Общий предок альфа-гаплогруппы (гаплогруппа A1b в нынешней классификации) жил примерно 160 тысяч лет назад, и от него разошлись африканские и неафриканские гаплогруппы; общий предок бета-гаплогруппы (гаплогруппа BT в нынешней классификации) жил 64±6 тысяч лет назад. Из статьи (A.A. Klyosov, I.L. Rozhanskii, 2012) [118]

Номенклатура в этой иллюстрации несколько устаревшая, в ней нет гаплогруппы A00, которая в 2012 году была неизвестной, и которая ответвляется от ствола эволюционного дерева примерно 220 тысяч лет назад, но суть диаграммы остается правильной. Гаплогруппа альфа – это условная гаплогруппа, от которой пошло разделение эволюционного Y-хромосомного дерева человечества на африканскую (слева) и неафриканскую линии. В настоящее время все гаплогруппы от B до T, то есть гаплогруппы неафриканского происхождения, сходятся к условной же бета-гаплогруппе, которой на самом деле является сводная гаплогруппа BT. Загадка – куда девалась связка между альфа– и бета-гаплогруппой, протяженностью в сто тысяч лет? И, кстати, куда делись африканские ДНК-линии, которые на левой части диаграммы полностью экстраполированы от общих предков всего от тысячи до нескольких тысяч лет давности, вглубь времен?

Со времени публикаций той статьи прошло уже более трех лет, в базах данных и в Проектах с тех пор накопилось много гаплотипов, в том числе протяженных, 111-маркерных, и появилась возможность проверить количественные выводы статьи. То, что расхождение

---

[118] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

африканской и неафриканской ДНК-линий произошло примерно 160 тысяч лет назад, мы уже проверили. Перейдем к времени жизни общего предка всех неафриканских гаплогрупп – от B до T. Ниже – дерево гаплотипов этих гаплогрупп. Оно построено по 111-маркерным гаплотипам, и сами гаплогруппы показаны по окружности дерева. Для каждой из 18 гаплогрупп использовали 10–25 гаплотипов, взятых произвольно из выборки, всего 403 гаплотипа в 111-маркерном формате. Гаплогруппы категории A на дереве не оставили, поскольку они явно «вылезали» из кругового дерева, по понятной причине – как мы уже показали, они удалены по мутациям от всех других гаплогрупп.

Видно, что все гаплогруппы от B до T образуют достаточно единую систему ДНК-линий (выраженную здесь через 111-маркерные гаплотипы), так что про некую «африканскую гаплогруппу B» говорить не приходится. Она такая же «автохтонная африканская», как R1b – «автохтонная европейская». Это – застарелая болезнь попгенетиков – то, что видят сейчас, значит, так было всегда. Болезнь называется «отсутствие научного подхода», или «отсутствие научной школы», что, впрочем, одно и то же, а если по-русски, то «думать не умеют».

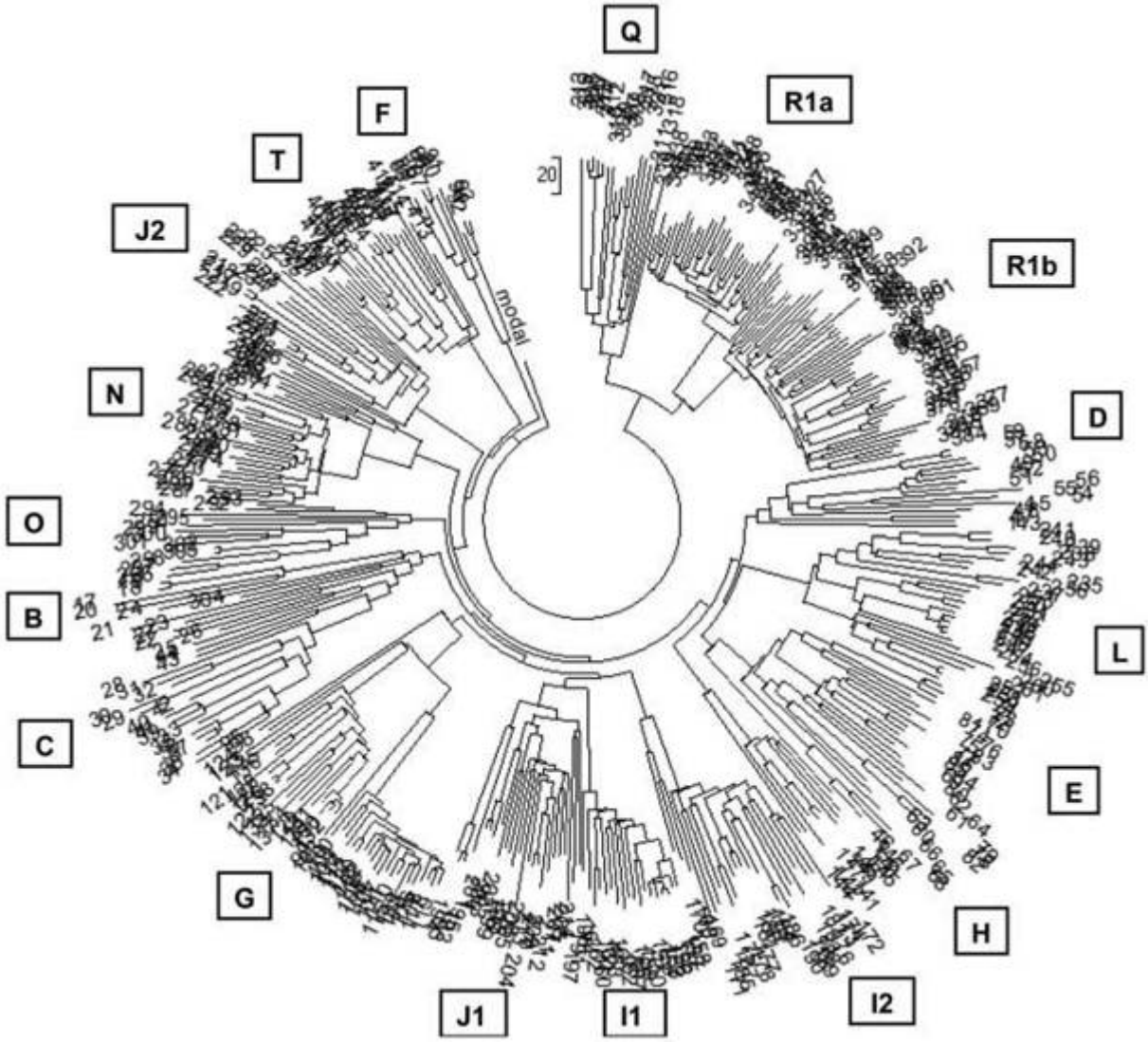


Рис. 30. Гаплотипное и гаплогруппное дерево человечества в 111-маркерном формате

403 гаплотипа в 111-маркерном формате, то есть почти 45 тысяч аллелей – это крепкий орешек, если считать вручную. Более того, за десятки тысяч лет в них накапливаются десятки тысяч мутаций, помимо того, огромное количество возвратных мутаций, что делает

111-маркерную систему такой древности неустойчивой, и неприемлемой для расчетов, поскольку датировки значительно занижаются. Поэтому для данных случаев разработана 22-маркерная панель из самых «медленных» маркеров. Они настолько устойчивы во времени, что для всех 403 гаплотипов за десятки тысяч лет маркер DYS472 вообще не мутировал ни разу, DYS436 – всего 30 раз, DYS590 – 42 раза, и так далее. Сравните – маркер DYS390 за это же время должен мутировать 2270 раз, то есть в среднем 5.6 раз на гаплотип. При таких частотах мутации расчет вклада обратных мутаций уже практически невозможен, система нестабильна.

А вот «медленная» 22-маркерная панель с малыми скоростями мутаций позволяет проводить расчеты на десятки и сотни тысяч лет вглубь, и даже на миллионы лет, как было показано выше на примере расчета времени жизни общих предков человека и шимпанзе. Более того, разработанный калькулятор Килина-Клёсова проводит расчеты по каждому маркеру отдельно, используя квадратичный метод, и поэтому не требует введения поправок на возвратные мутации. В итоге ДНК-генеалогия получила незаменимый метод расчета массивных серий гаплотипов в любом формате и любой древности общего предка[119,120]. Расчет дерева из 403 гаплотипов, приведенного выше, показал, что общий предок гаплогрупп от B до T жил примерно 63 тысячи лет назад (результат без округления – 63036 лет, что, конечно, с такой точностью совершенно излишне). Это почти точно совпадает с рассчитанной ранее[121] (Klyosov and Rozhanskii, 2012) величиной 64±6 тысяч лет.

Теперь осталось подойти к решению сформулированной в той статье загадки – повторим ее опять: куда же делись предки Y-хромосомных линий в Африке ранее 5-10 тысяч лет назад, и у неафриканцев ранее 64±6 тысяч лет назад? Причем у африканских линий группы A можно косвенным путем, а именно при сравнении протяженных гаплотипов с «неглубокими» общими предками, достичь времен жизни общих предков 132 тысячи лет назад, а у неафриканцев, как их гаплотипы ни комбинировать и ни сравнивать, глубже 64±6 тысяч лет уйти не получается. Более древних общих предков как корова языком слизнула. Что же это за корова была такая?

Некоторые предположения в цитированной выше статье сделаны были – упомянуто возможное последствие извержения вулкана Тоба в Индонезии, около 70 тысяч лет назад. Не исключено было резкое похолодание, возможно, как результат извержения того же вулкана, причем по мнению специалистов ранг катастрофичности глобального похолодания намного выше, чем извержения вулкана, но это все оставалось довольно абстрактными предположениями. И вообще – чтобы извержение вулкана в Индонезии привело к гибели почти всех людей на планете – это кажется маловероятным, но все это «по понятиям». Другое мнение, весьма обоснованное и покрепленное обилием экспериментального материала, выдвинул В.П. Юрковец, профессиональный геофизик, специалист по глобальным катаклизмам, в особенности метеорного характера, как их порой называют. Согласно его данным, примерно 65 тысяч лет назад в акваторию Тихого океана упал метеорит диаметром не менее 11 км, что привело к образованию мегацунами, с гигантской волной, прокатившейся по всем[122,123].

---

119 Клёсов, *А.А.,* Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

120 http://dna-academy.ru/kilin-klyosov/

121 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

122 В.П. Юрковец (2015) Климатическая катастрофа гаплогруппы «Бета». Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 8, № 3, стр. 376–432.

123 http://pereformat.ru/2015/10/africa-dna-vol2/

Вопрос 89: **Различаются ли по гаплотипам и датировкам общие предки финно-угров, южных балтов и этнических европейских русских гаплогруппы N1c1?**

Да, различаются. Они различаются видом гаплотипов – например, у южных и западных балтов, как и у этнических русских гаплогруппы N1c1, характерная четверка в DYS464 имеет вид преимущественно 14-14-15-15, в то время как у финнов она имееет вид преимущественно 13-13-14-14. Датировки общего предка этнических русских гаплогруппы N1C1 попадают на начало I тыс до н. э., южных балтов, а также поляков, белорусов и украинцев – на середину I тыс до н. э., финнов Прибалтики – на начало I тыс нашей эры.

Это различие видно из деревьев гаплотипов и соответствующих датировок их ветвей. Ниже приведено дерево (рис. 31) из 227 гаплотипов в 67-маркерном формате гаплогруппы N1c1 Восточной Европы – Россия, Литва, Латвия, Белоруссия, Польша, Украина, Чехия, Словакия, Венгрия, и несколько единичных гаплотипов из Боснии, Хорватии, Молдавии, Румынии. Выпирающие небольшие ветви справа и внизу – это сибирско-алтайская и волго-сибирская ветви, соответственно, они при расчетах во внимание не принимались, поскольку вопрос был про европейское население. Уральские и зауральские предки гаплогруппы N значительно более древние. Собственно, для того дерево и строится, чтобы распознать сторонние ветви, и избежать «фантомных» общих предков.

Результаты расчетов времен жизни общих предков (лет назад), от древних к молодым:

Россия 3090±320
Венгрия 2800±430
Украина 2760±330
Латвия и Литва 2710±290
Белоруссия 2680±350
Польша 2580±300
Чехия 1670±320
Чехия и Словакия 1520±250

Надо понимать, что это не времена прибытия, а времена жизни общих предков, которые обычно более ранние, возникли по ходу миграционного маршрута. Мы видим, что разумные времена прибытия на Балтику – около середины I тыс. до н. э., или, возможно, несколько позже. До Чехии со Словакией дошли уже намного позже.

Но если мы расмотрим финские гаплотипы, они имеют несколько другой вид и более недавние датировки. Как мы увидим, если южные балты прибыли на берега Балтики, как приводилось выше, в середине I тыс до н. э., то основное количество будущих финнов – примерно через 500 лет, в начале I тыс нашей эры.

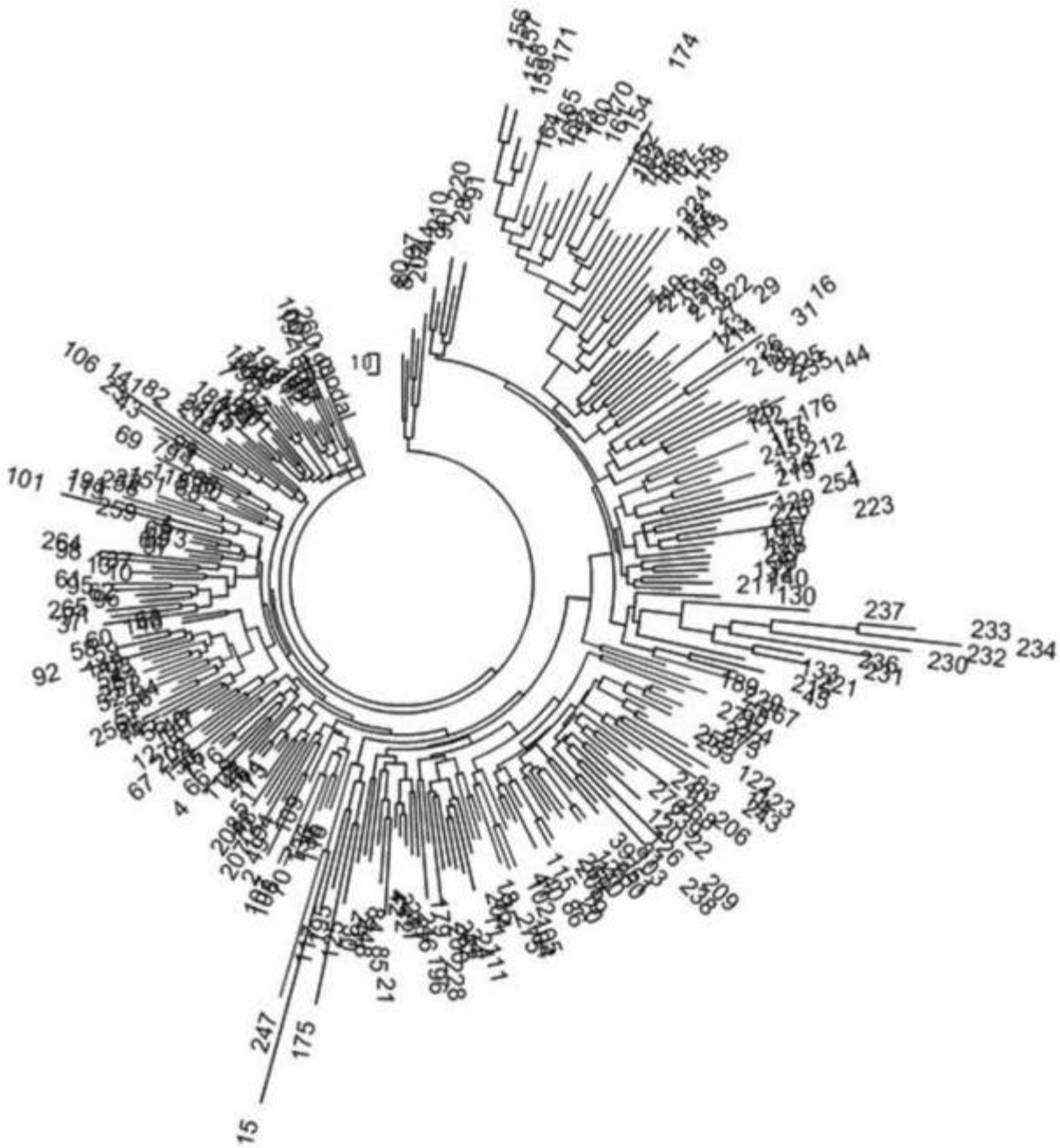


Рис. 31. Дерево 227 гаплотипов гаплогруппы N1c1 Восточной Европы в 67-маркерном формате (исключения – небольшие ветви справа и внизу, относящиеся к сибирско-алтайской и волго-сибирской группам гаплотипов. Датировки общих предков по странам и регионам Восточной Европы – от 3090±320 лет назад (Россия) до 1520±250 лет назад (Чехия и Словакия).

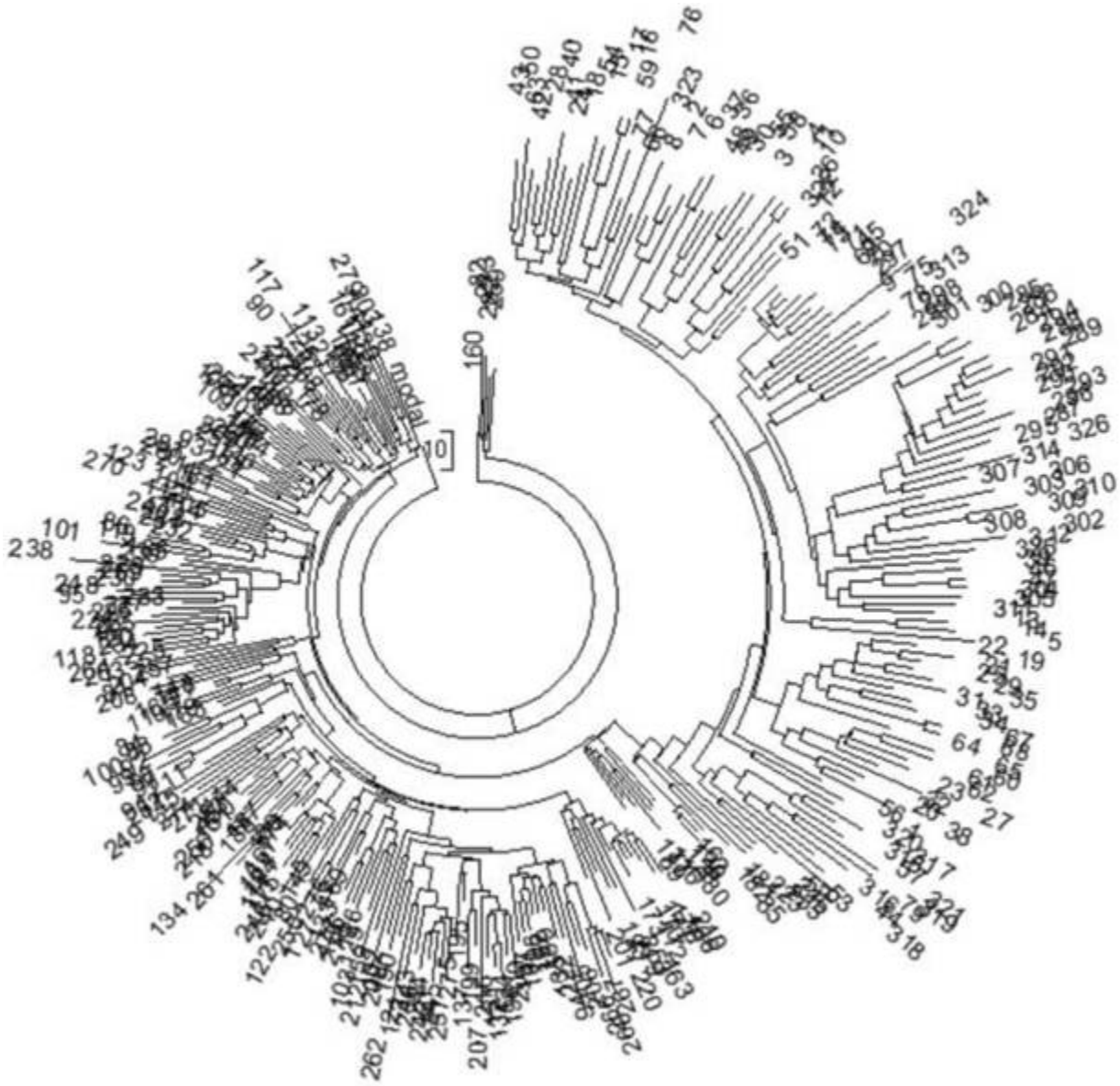


Рис. 32. Дерево 326 гаплотипов гаплогруппы N1c1 Финляндии в 67-маркерном формате. Слева – относительно молодая ветвь с общим предком 1840±190 лет назад, справа – двойная ветвь (верхне-волжские и уральские гаплотипы), общие предки которой жили 2060±220 и 2570±270 лет назад.

Дерево 326 гаплотипов в 67-маркерном формате, носители которых назвали себя финнами, приведено выше. Оно состоит из двух основных ветвей – относительно молодая, и потому плотная ветвь слева (гаплотипы 80-283), в которую входят 62 % всех гаплотипов дерева, с общим предком, который жил 1840±90 лет назад, то есть примерно в начале прошлой эры, и двойной ветви справа, из 79 и 42 гаплотипов (под номерами 1-79 и 284–326, соответственно), общие предки которых жили 2060±220 и 2570±270 лет назад, соответственно. Более древняя ветвь состоит в основном из гаплотипов, которые в базе данных FTDNA именуются верхне-волжскими и уральскими, хотя их современные носители называют себя финнами. Они практически неотличимы от гаплотипов этнических русских, и датировка та же – середина I тыс до н. э. Финские гаплотипы значительно, на 500 лет, более «молодые», и ведут отсчет общего предка с начала нашей эры, как и было отмечено выше. Для «финских» гаплотипов в DYS464 характерна четверка 13-13-14-14, для этнических русских и верхне-волжских и уральских «финских» гаплотипов характерна четверка 14-14-15-15. Общие предки последних появились вдалеке от Прибалтики, не позднее 2500 лет назад.

Вопрос 90: **Как ДНК-генеалогия может помочь археологии? Связаны ли гаплогруппы и погребальный обряд?**

По предварительным данным, положение костяков в древних захоронениях характерно для некоторых (или всех?) гаплогрупп, то есть древних родов. Это важно, потому что трупоположение является одним из наиболее стабильных признаков при рассмотрении археологических культур. Выясняется, что носители гаплогруппы R1a укладывали покойников в скорченном положении на правый бок головой на запад (мужчины) и на левый бок головой на восток (женщины), а носители гаплогруппы R1b – на спину в вытянутом положении, иногда с подогнутыми ногами. Если это подтвердится или уточнится, в археологию будут введено понятие рода в терминах ДНК-генеалогии.

Хотя трупоположение является одним из наиболее стабильных признаков при рассмотрении археологических культур, в то же время остается без четкого объяснения разнообразие видов трупоположения, а также то, почему в ряде случаев одни виды трупоположений постепенно сменяются другими. Наиболее простых объяснений два – либо по каким-то причинам меняется погребальный обряд, либо происходит замена (вытеснение) одного населения другим. Понятно, что можно анализировать тот и другой вариант, привлекая сопутствующие материальные признаки; понятно также, что трупоположение – это некий маркер, но маркер чего – ответа до сих пор не было.

Ответ стал вырисовываться только в самое последнее время, и, наверное, впервые в связном виде изложен в книге[124]. Немногие (пока) данные показывают, что характер погребений, а именно трупоположение, различается для носителей разных гаплогрупп, то есть родов. Интуитивно это понятно – род происходят от общего предка, патриарха; члены рода – родственники, во всяком случае по мужской линии, потомки патриарха; и обычаи, особенно наиболее стабильные, должны поддерживаться в пределах рода. Конечно, не исключено, что дробление родов на расходящиеся племена-субклады может приводить к изменению обычаев, и что неродственные племена могли заимствовать погребальные обряды соседей, особенно если видели в этом определенную целесообразность, достаточную для изменения своих древних обычаев, но это все рассуждения «по понятиям», не «по науке». Суть, однако, ясна – трупоположения не обязательно вечные и неизменные, но это нужно показывать «экспериментально», а не путем общих рассуждений. В любом случае, представляется, что если разные гаплогруппы в древности различались определенным трупоположением, то это будет исключительно важной находкой для археологии.

Оказалось, что носители гаплогруппы R1a укладывали своих покойников в скорченном положении, мужчин на правом боку (головой на запад), женщин на левом (головой на восток), всех лицом на юг (ноги могли быть согнуты в разной степени). Так уложены покойники в захоронении носителей R1a в Германии (Эулау), культура шнуровой керамики, с датировкой 4600 л.н.[125]; в захоронениях катакомбной культуры (от Днестра до Волги, II тыс до н. э.); части древнеямной культуры (степная полоса от Урала до Днестра, 4800–4300 л.н., то есть IV–III тыс до н. э.[126]; ранней майкопской культуры в предгорьях Северного

---

124 Клёсов, *А.А.,* Пензев, К.А. (2015) Арийские народы на просторах Евразии (М, изд. «Книжный мир»), 351 стр.

125 Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Gansmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike A.W.G., Meller, H., Alt, K.W. (2008) Ancient DnA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. Proc. Natl. Acad. Sci. US, 105, 1822618231.

126 Яровой, Е.В. (2000) Скотоводческое население Северо-Западного Причерноморья эпохи раннего металла.

Кавказа; кобанской культуры[127]; в захоронениях каракольской археологической культуры бронзового века (II тыс до н. э.) на территории Горного Алтая[128].

Для эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, характерно трупоположение на спине, головой на запад или на север, которое наблюдается в некоторых погребениях каракольской культуры (http://www.cultural-school.ru/index.files/Page1470.htm). Это же положение характерно для домайкопского населения и части майкопского[129], для населения кротовской культуры[130] – первый, доандроновский этап развитой бронзы Обь-Иртышья, и для большей части древнеямной культуры.

Известны и многие другие виды трупоположений, например, в китайской династии Шан-Инь (1500 лет до н. э.) покойников укладывали в вытянутом положении, иногда лицом вниз. Данных по соответствущим гаплогруппам нет, хотя в Китае наиболее распространена гаплогруппа O.

В этой книге выше было высказано предположение, что фа-тьяновская культура – это культура носителей R1a. Ископаемые гаплогруппы фатьяновской культуры пока неизвестны, поэтому приписывание этой культуры гаплогруппе R1a оставалось «по понятиям». Но если мы смотрим на данные по трупоположениям, то видим, что это – скорченное положение на правом боку (мужчины), головой на запад, северо-запад или юго-запад, и на левом боку (женщины) головой на восток, юго-восток или северо-восток. Это, действительно, канонические (уже) характеристики R1a.

Для других гаплогрупп пока не имеется определенных данных, и они, несомненно, появятся. Но различия в трупоположениях для гаплогрупп R1a и R1b уже полезны для решения некоторых исторических загадок. Так, неясно, кем все-таки были сарматы, к какой гаплогруппе (или гаплогруппам) они принадлежали, и в каких случаях эта информация может понадобиться. За примером далеко идти не нужно. В.В. Седов[131] описывает черняховскую культуру, и размышляет, в какой степени она была славянской. Он пишет – *«черняховская культура формируется в основном на скифо-сарматской территории»,* но что это не сарматская культура, хотя *«не было и какого-либо хронологического разрыва между сарматской и черняховской культурами».* В итоге В.В. Седов приходит к тому, что *«вопрос о вкладе скифо-сарматского населения в черняховскую культуру… имеет непосредственное отношение к проблеме славянского этногенеза».* В этой связи В.В. Седов приводит слова Г.Б. Федорова, который *«пришел к мысли о существенном вкладе сарматов в культуру черняховских племен».* И далее В.В. Седов приводит серию противоречивых данных о том, кеми все-таки могли быть черняховцы. Как водится, вопрос остается нерешенным, хотя есть сведения, с кем они граничили на севере и на юге, какая у них была

Дисс. докт. ист. наук. http://www.dissercat.com/content/skotovodcheskoe-naselenie-severo-zapadnogo-prichernomorya-epokhi-rannego-metalla#ixzz2tbTPrQFj

[127] http://chechen.org/archives/397

[128] Кубарев, В.Д. (2005). Каракольские сюжеты в наскальных изображениях Алтая и Монголии. VII Международные Рериховские чтения. http://sibro.ru/reading/doc/390/2097
http://www.cultural-school.ru/index.files/Page1470.htm

[129] Державин В.Л., Тихонов Б.Г. (1980) Новые погребения майкопской культуры в Центральном Предкавказье. КСИА. – М., Вып. 161. с. 76–79. http://www.bronza-lib.narod.ni/d/derzhavin_tihonov1980. html

[130] Гришин, А.Е (2002). Погребальный обряд кротовской культуры: типология погребальной практики: по материалам могильника Сопка-2. Дисс. канд. ист. наук. http://www.dissercat. com/content/pogrebalnyi-obryad-krotovskoi-kultury-tipologiya-pogrebalnoi-praktiki-po-materialam-mogilnik#ixzz2tabOKpiK

[131] Седов, В.В (1979). Происхождение и ранняя история славян. М.

керамика, но это не помогло в ответе на заданный вопрос. Описание не заменяет выводов.

Поскольку гаплогрупп-гаплотипов ископаемых сарматов (как и черняховцев) в наличии нет (хотя уже есть данные по «сарматам»-хазарам, см. ниже), то вопрос о том, кто они были и откуда мигрировали, остается нерешенным. Поэтому обратим внимание на сведения о трупоположении сарматов, как прокси их гаплогрупп – если, конечно, принять, что этот один из наиболее стабильных признаков в археологии действительно определяется тысячелетними традициями рода, а, значит, гаплогруппами-субкладами. Особых возражений эта концепция не должна вызывать, и здесь один критерий – практика. Какие же там трупоположения?

Как сообщает В.В. Седов, в черняховских могильниках встречаются *«трупоположения с согнутыми в коленях или скрещенными ногами* », которые *«обычны для сарматов на различных стадиях эволюции их культуры, начиная с савроматской и кончая шиповским этапом».* К сожалению, здесь не сообщается, на спине или в скорченном положении на боку. Согнутые в коленях ноги – это далеко неполное описание. Одно важно – это не трупосожжение, что уже несколько уводит от славянских традиций. Другое важное сообщение – что *«отдельные трупоположения с перекрещенными или согнутыми ногами* » встречены также культуре древних германцев в низовьях Вислы, на Готланде и в южной Швеции, что тоже, впрочем, относят к влиянию сарматского воздействия, хотя это уже мнение, а не факт. Если это положение на спине, то для гаплогруппы R1a это совсем нехарактерно, и похоже на традиции R1b.

Дальше В.В. Седов сообщает, что для сармат свойственно трупоположение с северной ориентировкой, и что всего в черняховских могильниках раскопано более 800 захоронений с северной ориентировкой и 300 – с западной. Опять в отсутствии сведений, это на боку или на спине, данные не поддаются надежной интерпретации. Не исключено, что первая соответствует R1b, вторая – R1a. То, что, по сообщению В.В. Седова, *«ориентировка погребенных у сарматских племен не была стабильной, а претерпевала изменения со временем»,* и «в *раннесарматских захоронениях была головой к югу»,* скорее может отражать изменения родового состава сарматских племен, а не культурные изменения. Сообщается также, что трупоположения кельтов также были ориентированы головой к северу (меридиональная ориентировка), но это определенно только у «поздних кельтов», гаплогруппы R1b (см. предыдущий раздел), а то, что в погребальном ритуале черняховской культуры полностью отсутствуют какие-либо кельтские особенности, говорит только о том, что гаплогруппа далееко не обязательно определяет археологическую культуру, она проходит через цепь последовательных культур, которые могут расходиться в разные стороны.

В любом случае, гаплогруппа R1b никогда не была характерной славянской, и возможное присутствие носителей гаплогрупп R1b и R1a в черняховской культуре может свидетельствовать не только о ее полиэтничности, но и о сосуществовании в ее составе (или об отнесении к одной культуре) различных племен, каждое со своими ритуалами. Это может свидетельствовать и о неверном отнесении культуры.

О трупоположении у сармат встречаются сведения, например, по Оренбургской области – вытянутое положение на спине, с головой на запад[132]. Это определенно не R1a. В отличие от этого сарматского захоронения, у скифов на днепропетровском лесостепном правобережье зафиксировано положение, характерное для племен R1a – скорченная поза на боку у женщины, головой на юго-восток[133].

В сарматских захоронениях кочевников южных областей Средней Азии (Южная

---

[132] Смирнов, К.Ф. (1994) Раннесарматский курган под Новоорском Оренбургской обл. Древности Евразии в скифо-сарматское время. Под ред. А. И. Мелюковой, М. Г. Мошковой, В. Г. Петренко. Москва, Наука. Сб. статей в честь К. Ф. Смирнова.

[133] Ковпаненко, Г.Т. (1994) «Червона могила» у с. Фляркова. Древности Евразии в скифосарматское время. Под ред. А. И. Мелюковой, М. Г. Мошковой, В. Г. Петренко. Москва, Наука. Сб. статей в честь К. Ф. Смирнова.

Туркмения) погребенные похоронены на спине в вытянутом положении, головой на юг. Для поволжских сарматских погребений I–II вв н. э. характерно положение погребенного на спине, со слабо подогнутыми ногами, юго-западная ориентировка[134]. Напротив, в захоронении кобанской культуры (западный вариант) в могильнике VI в. до н. э. все скелеты лежали в скорченной позе, головой на запад и северо-запад – мужские скелеты на правом боку, женский – на левом боку, лицом к мужчине[135]. Это – типичный признак племен гаплогруппы R1a.

Замечательная подборка данных по трупоположениям в савромато-сарматской культуре с VII в до н. э. по конец IV в н. э. приведена в работе[136]. Младенцев хоронили всегда на спине в вытянутом положении, ориентировка – всегда меридиональная. Мальчики-подростки – всегда вытянуты на спине, лежат «головой в любую сторону». Юноши – доминирует вытянутая поза, иногда ничком, ориентировка разнообразна. Возмужалые мужчины – преимущественно вытянуты на спине, встречается скорченное положение на правом или левом боку, либо вытянутое на правом боку. Ориентировки разнообразны. Мужчины зрелого возраста – преимущественно вытянуты на спине, но отмечена и вытянутая на правом боку, ориентировки разнообразны. Старики – вытянуты на спине или на животе.

Наш комментарий – как видно, в савромато-сарматской культуре погребения совершенно нехарактерны для носителей гаплогруппы R1a. Видимо, преимущественно это могли быть носители R1b, но не исключена и заметная примесь других гаплогрупп, кроме R1b, или нужно признать, что для R1b ориентировка трупоположения не была фиксированной.

Большая подборка данных по савроматам и сарматам в регионах Подонья в IV–II вв до н. э. приведена в работе[137]. Положение погребенных – в подавляющем положении вытянуто на спине. В единичных случаях было отмечено скорченное положение, но либо на левом боку, либо с восточной, северной или юго-восточной ориентировками. Не будем приводить многочисленные данные по векам, ориентировкам и положениям, публикация доступна, дадим только несколько кратких выдержек – «в захоронениях IV–III вв до н. э. [39 погребений] костяков в скорченном положении не было», «из 26 захоронений конца V–IV вв до н. э… во всех случаях положение костяков было вытянутое, на спине», и так далее. Положений, характерных для R1a, практически не было.

Выше приведены только отдельные примеры. Подобная информация должна быть собрана, систематизирована и переосмыслена в связи с возможной связью с гаплогруппами.

Вопрос 91: Действительно ли ДНК-генеалогия не оставила камня на камне от «норманской теории», согласно которой на Руси жили тысячи скандинавов, и что это они создали русскую государственность?

Да, ДНК-генеалогия действительно не оставила камня на камне от этой «норманской теории», несмотря на ее живучесть на протяжении последних 250 лет.

Ее, эту «теорию», громил еще М.В. Ломоносов, это откровенно русофобская «теория»,

---

134 Мошкова, М.Г. (1984) Культовые сооружения Лебедевского могильника. Древности Евразии в скифо-сарматское время. Под ред. А. И. Мелюковой, М. Г. Мошковой, В. Г. Петренко. Москва, Наука. Сб. статей в честь К. Ф. Смирнова.

135 Членова, Н.Л. (1984) Могильник VI в. до н. э. Султан-гора III под Кисловодском. Древности Евразии в скифо-сарматское время. Под ред. А.И. Мелюковой, М.Г. Мошковой, В.Г. Петренко. Москва, Наука. Сб. статей в честь К.Ф. Смирнова.

136 Берлизов, Н.Е. (2011) Отражение возрастной стратификации савромато-сарматских племен эпохи раннего железа в погребальной обрядности. Теория и практика общественного развития, № 2, 255–258.

137 Максименко, В.Е. (1983) Савроматы и сарматы на Нижнем Дону. Издательство Ростовского университета, Ростов-на-Дону, 224 с.

которая подпитывалась все эти века и десятилетия и продолжает подпитываться русофобскими воззрениями. Норманизм – это русофобская идеология. В целом, норманская теория устами своих апологетов утверждает, что русский народ происходит из племени русь, которое в свою очередь происходит из Скандинавии периода экспансии викингов. ДНК-генеалогия показала ненаучность «норманской» концепции, согласно которой на Руси жили якобы десятки, а то и сотни тысяч скандинавов, причем это число возрастало в прогрессии в ходе нарастания псевдонаучной агрессии норманистов. Согласно воззрениям Л.С. Клейна, число скандинавов на Руси достигало 13 % от того населения, по которым у него якобы были данные. Естественно, данные были не о скандинавах, таких данных никогда не было, но это были «интерпретации» Клейна, в духе известной байке о пистолете Вальтер, найденном во Владивостоке, и послужившим основой «теории» о том, что немцы в Великой Отечественной войне дошли до Тихого океана. «Историки» типа Клейна всегда найдут «артефакты», которые можно согнуть под их идеологию и политические пристрастия.

Два основных факта, которые полностью опровергают «норманскую теорию», следующие. Во-первых, В России, Украине, Белоруссии, Литве практически не было найдено потомков скандинавов гаплогруппы R1a, которые в Скандинавии занимают по численности устойчивое третье место среди других гаплогрупп (две другие – I2a и R1b). Их гаплотипы имеют характерную метку, которая определяет носителей R1a в отдельный субклад R1a-Z284, называемый «скандинавским». Этого субклада в перечисленных славянских странах или вообще не найдено, как в Белоруссии и на Украине, ни одного человека, или найдены единицы, как в России (два человека, см. карты ниже, среди многих сотен, то есть в количестве менее процента), и в Литве (один человек). Эти трое знают только своих прадедушек, которые родились в середине и во второй половине XIX века, что немыслимо для тех огромных количеств скандинавов на Руси, что дают норманисты. Немыслимо, чтобы от них не осталось потомков.



Рис. 33. Географической распределение носителей «скандинавского» субклада R1a-Z284. Красные символы – более старая ветвь субклада R1a-Z287 (образовалась примерно 4300 лет назад), зеленые – более молодая ветвь (образовалась примерно 3600 лет назад) [138], [139]**. Их общий предок, гаплогруппы R1a-Z284, жил примерно 4500 лет**

[138] По данным И.Л. Рожанского, https://www.google.com/maps/d/viewer?hl=en&authuser=0&mid=zCFuZT9R8rxg.kVBkQttRh7Tk

назад (по данным компании YFull, http://www.yfull.com/tree/R1a/)

Во-вторых, передвижения «норманов» шли на запад, на Британские острова, а не на восток, в славянские страны. Две карты, здесь приведенные (выполненные И.Л. Рожанским), соответствуют территориальным распределениям двух основных субкладов гаплогруппы R1a-Z84. Видно, в каком направлении шли миграции (или военные экспедиции) древних носителей R1a, которых норманисты называют «викингами», хотя такого этноса не было. По информативности это соответствует названию «морские разбойники». Так вот, от их прибытий на Острова остались исторические сведения, саги и сказания. От их якобы прибытий в Русь не осталось ничего, кроме косвенного упоминания в ПВЛ, которое можно трактовать разными способами, да словесная акробатика с днепровскими порогами, давно разоблаченная, да акробатика с именами Киевской Руси, которые тщательно выбирали из документов, не приводя других имен.

Точку в этом поставила ДНК-генеалогия.



Рис. 34. Географической распределение носителей «скандинавского» субклада R1a-Z284. Красные символы – относительно молодая ветвь субклада, R1a-L448 (образовалась примерно 2700 лет назад), зеленые – еще более молодые ветви (образовались примерно 2100 и 1850 лет назад)[140], [141].

---

[139] Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, 2, No. 3, 139-156

[140] По данным И.Л. Рожанского, https://www.google.com/maps/d/viewer?hl=en&authuser=0&mid=zCFuZT9R8rxg.kREdDWZzZEwo

[141] Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9,000 years. Advances in Anthropology, 2, No. 3, 139-156

Вопрос 92: **Тогда кто были Рюриковичи? Не скандинавы?**

Нет. Если Рюрик вообще существовал, и не был собирательной фигурой, или влиятельным воеводой древнего Новгорода, то первые рюриковичи, судя по гаплотипам, были выходцами с южной Балтики, славянами, носителями гаплогруппы N101. У шведов такой гаплогруппы вообще мало, около 7 %, в Норвегии еще меньше, всего 2.5 %. У южных балтов – примерно 40 %.

Принадлежность Рюриковичей к южным балтам подробно рассмотрена в книгах «Происхождение славян. ДНК-генеалогия против «норманнской теории» (Клёсов, А.А., М., «Алгоритм», 2013, стр. 304–327) и «Занимательная ДНК-генеалогия» (Клёсов, А.А., М., «Вече», 2013, стр. 47–67).

Вопрос 93: **Якуты и финны как один род: как такое может быть?**

Да, монголоидные якуты и европеоидные финны принадлежат одному и тому же роду – N1c1, и происходят от одних и тех же общих предков, которые жили несколько тысяч лет назад. Современные якуты имеют общего предка примерно 1400 лет назад, современные финны – примерно 2500 и 2000 лет назад (см. выше дерево гаплотипов финнов и его обсуждение). То, что у них столь разные фенотипы, может объясняться несколькими вариантами; наиболее вероятный тот, что повторяющаяся женитьба якутов на монголоидных женщинах, и финнов – на европеоидных женщинах, разведет их фенотип через несколько поколений, и тем более за сотни и тысячи лет.

Якуты и финны действительно относятся к одному роду, гаплогруппе N, более того, одному субкладу, N1c1, который образовался примерно 15 тысяч лет назад. На дереве снипов (Рис. 35) ветвь якутов находится слева внизу, ветвь финнов – справа наверху. Но если будущие финны прибыли на берега Балтики примерно 2000 лет назад, то есть на смене старой и новой эры, и у них имеется целая гроздь снипов, датированных 2100–1850 лет назад (Y5003, Y10756, Y15813, Y16503, Z35265, Y12103, PH547, и другие), то снип M2019, показанный на дереве как входной якутский снип, датируется компанией YFull 5900 лет назад (кстати, такой же снип обнаружен у одного эстонца, по данным той же YFull).

Но при таком древнем снипе якутов их общий предок жил относительно недавно – 1400±30 лет назад[142] (определено по 9-маркерным опубликованным гаплотипам). Более того, эта датировка воспроизводится по ископаемым гаплотипам якутов[143], которые были определены в работе[144] из 58 мумифицированных останков якутов, датируемых между 15 и 19 веками. Раскопки производились в Восточной Сибири, в Якутии. Для большинства мумий гаплотипы определялись только фрагментарно, но для 14 останков были определены 17-маркерные гаплотипы. В них оказалось всего 20 мутаций от базового гаплотипа (приведенного здесь в формате FTDNA 393-390-19-391-385a-385b-X–X-439-3891-392-3892-458-C.O-437-448-GATAH4-456-438-635

---

142 Адамов, Д.С., Клёсов, *А.А.* (2009) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть III. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 2, № 2, стр. 187–199.

143 Клёсов, А.А. (2010) Первый пример определения времени жизни общего предка по ископаемым гаплотипам. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 3, № 3, стр. 385–390.

144 Crubezy, E., Amory, S., Keyser, C., Bouakaze, C., Bodner, M., Gibert, M., Rock, A., Parson, W., Alexeev, A., Ludes, B. (2010) Human evolution in Siberia: from frozen bodies to ancient DNA. BMC Evolutionary Biology, 10:25, doi 10.1186/1471-2148-10-25.

14 23 14 11 11 13 X X 10 **14 16 18** 14 19 12 14 11 22

Примечательно, что все 9 маркеров гаплотипов современных якутов полностью совпадают с соответствующими маркерами ископаемых гаплотипов. Так что мумии оказались из той же популяции, произошедшей от того же общего предка. Это и есть тот самый общий предок современной популяции якутов. Характерно, что мутации в Y-хромосоме мумий или живых наших современниках – все подчиняются одним и тем же законам кинетики мутаций.

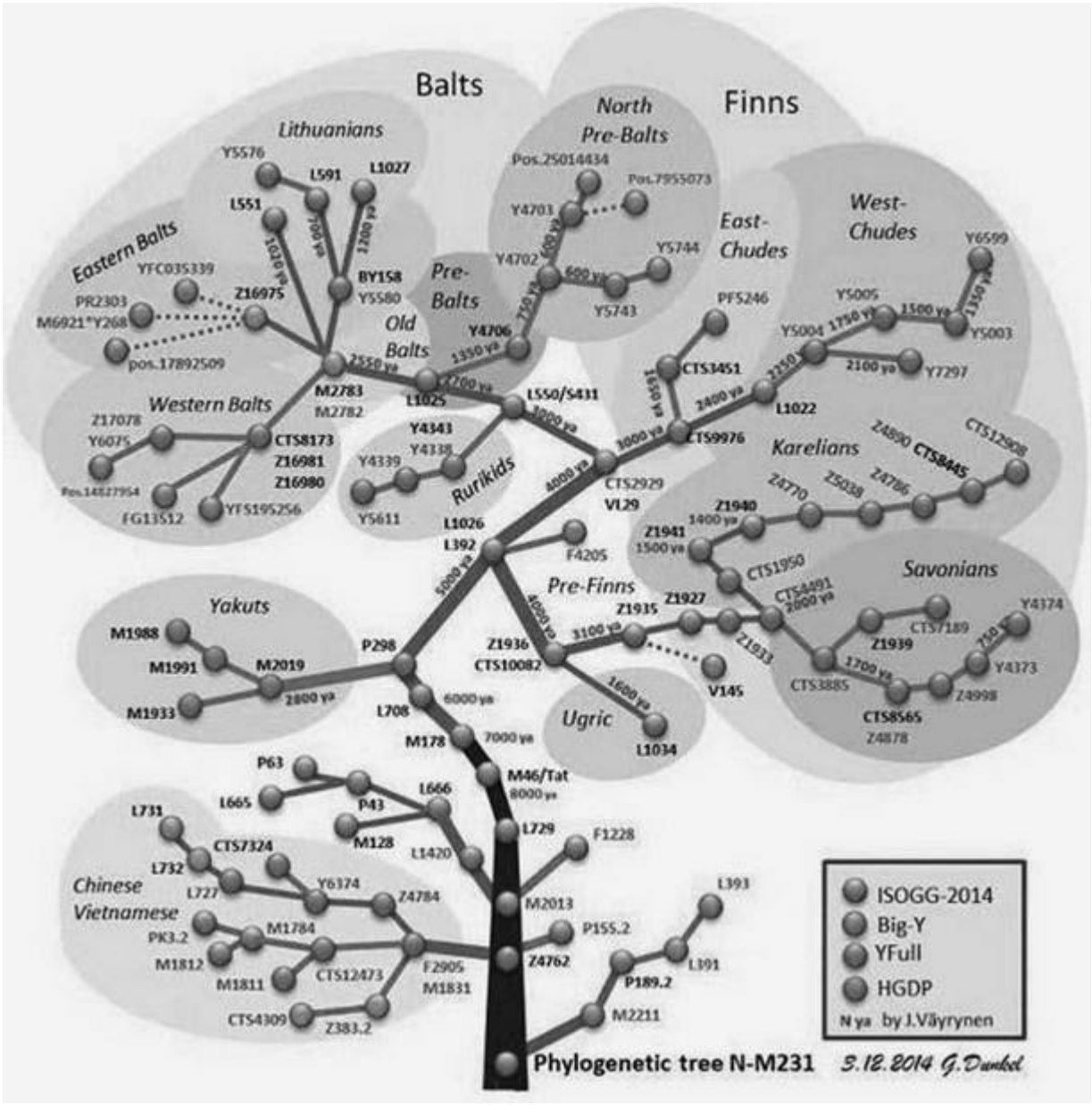


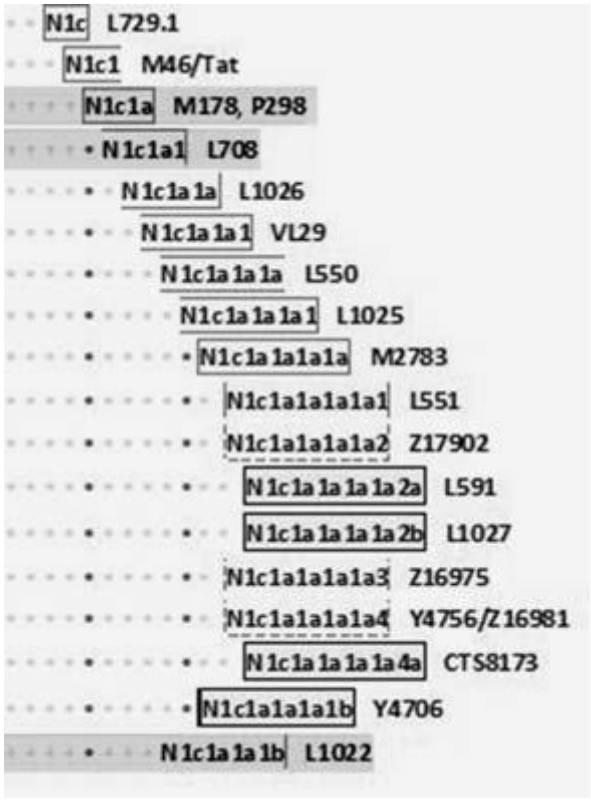
Рис. 35. Дерево снипов гаплогруппы N

В ископаемых 14 гаплотипах было найдено 20 мутаций от ископаемого же базового гаплотипа, что дает 20/14/0.0365 = 39 → 41 условных поколений, то есть 1025±250 лет до смерти описанной группы якутов 200–600 лет назад, или суммарно 1225–1625 лет назад. Как видно, это то же самое время, что и для описанной датировки современных якутов (1400±30 лет назад). Иначе говоря, это та же самая популяция якутов, только разделенная по времени несколькими столетиями. Примечание – 0.0365 мутаций на гаплотип на поколение – это

константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов, приведенная в статье[145].

Ясно, что 1400±130 лет для популяции якутов – это слишком мало. Это – середина 1-го тысячелетия нашей эры. Просто не может быть, чтобы якуты появились только тогда. Похоже, что существующая в настоящее время популяция якутов претерпела в середине 1-го тысячелетия «бутылочное горлышко популяции», и немногие из выживших якутов начали популяцию фактически заново. Альтернатива – что в середине 1-го тыс нашей эры якуты-мужчины были физически уничтожены носителями гаплогруппы N1C1, и таким образом была произведено замещение гаплогруппы. Но в любом случае это та же гаплогруппа, которая доминирует у современных финнов.

Возвращаясь к исходному вопросу – как могло получиться, что монголоидные якуты (или монголоидные захватчики, кто их заместил, и потомство которых мы сейчас наблюдаем как якутов), и немонголоидные финны (в большой степени потомки субклада L1022), потомки тех же вышестоящих субкладов, также отмеченных серым цветом на диаграмме ниже, оказались из одного рода?



Ответ довольно прост, и мы его уже приводили ниже – носители одной гаплогруппы далеко не обязательно принадлежат одному и тому же фенотипу, имеют одни и те же антропологические признаки. Древние якуты вовсе не обязательно выглядели так же, как сейчас, но женитьба на монголоидных женщинах изменит антропологию детей всего за несколько поколений. Возможно и обратно – древние финны могли быть монголоидными, но женитьба на европеоидных женщинах за несколько поколений превратит их в европеоидов. Действительно, мтДНК в Финляндии практически полностью европеоидные, и примерно половина финнов и финнок имеют мтДНК гаплогруппу H, как и половина русских и половина французов, как и половина всех европейцев.

Вопрос 94: **Откуда появились кельты с их индоевропейским языком?**

---

145 Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

Первые кельты были зафиксированы на территории современной Австрии, археологические культуры галь-штатская (IX–IV вв до н. э.) и латенская (IV–I вв до н. э.). Принято считать, что максимум за 400 лет кельты распространились практически по всей Европе (см. карту ниже). Данные ДНК-генеалогии позволяют утверждать, что такого интенсивного физического расселения всего за несколько веков быть не могло, и это было распространение индоевропейского языка, культуры и обычаев кельтов. Согласно тем же данным, первые кельты могли быть носителями гаплогруппы R1a, прибывшими с востока (или юго-востока), вместе со своим индоевропейским языком. Через несколько веков ИЕ язык уже разошелся по Европе, и на нем заговорила основная гаплогруппа Европы – R1b. Так возникла легенда о кельтах как автохтонах Европы, и, в частности, автохтонах Британских островов.

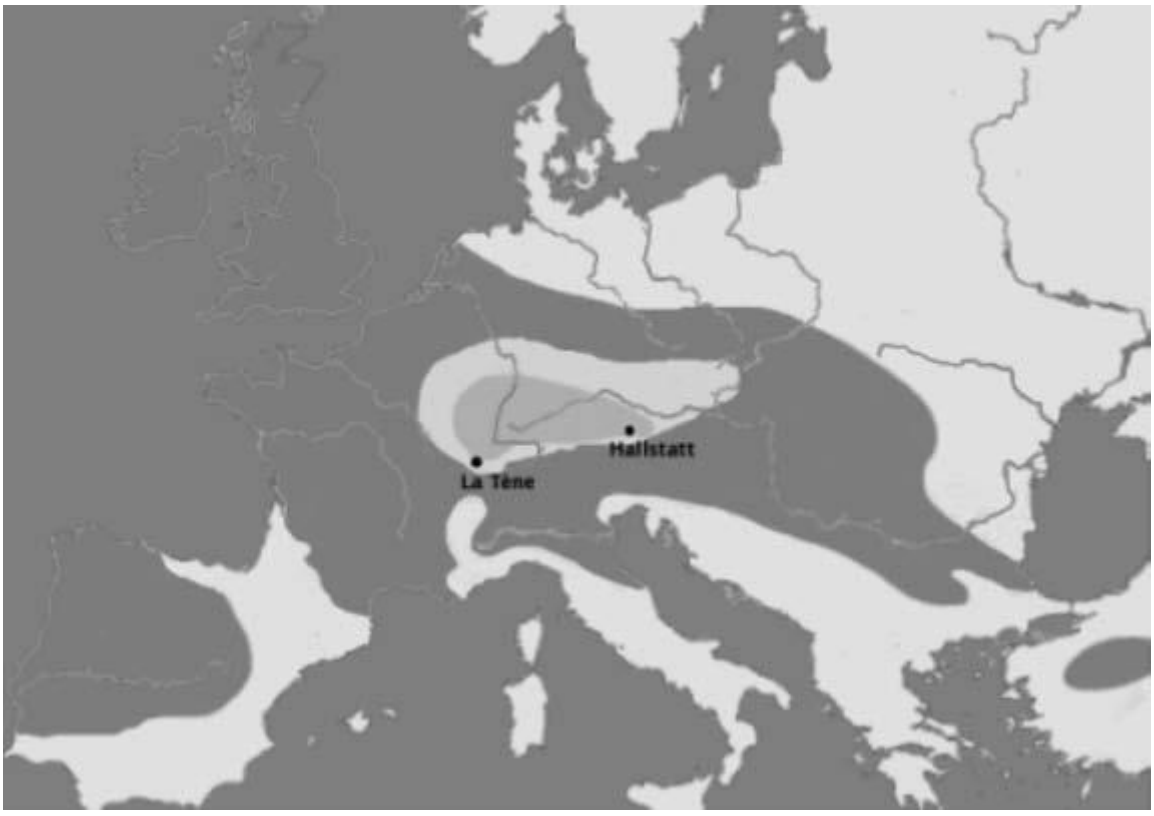


Рис. 36. Карта расширения кельтского ареала, в интервале времени от кельтских культур (гальштатская и латенская), примерно 8–4 в. до н. э., в ходе всего четырех веков (источник https://en.wikipedia.org/wiki/Celts , в небольшой модификации).

Приведенная выше карта показывает, что кельты всего за несколько веков распространились по всей Европе и на Британские острова. Подобное физическое распространение было просто невозможным. Никаких исторических свидетельств такого передвижения людей с занятием всей Европы, которое якобы началось с небольшого ареала в Австрии, немыслимо. Несколько лет назад в Британии состоялась конференция по кельтам с участием ведущих специалистов, на которой было признано, что никаких материальных доказательств перемещения кельтов на Британские острова нет и никогда не было, и то, что за это принималось (или выдавалось) относится к бронзовому веку. Намного более вероятным представляется то, что за «кельтов» принимается распространение их языка и культуры. А сами кельты были с самого начала I тыс до н. э. относительно небольшим анклавом носителей индоевропейского языка, скорее всего носителей гаплогруппы R1a, поскольку других носителей ИЕ языков в Центральной Европе в начале I тыс до н. э. обнаружить не удается.

Здесь будет предложена довольно неожиданная концепция происхождения кельтов,

хотя, по моему мнению, к ней столько раз вплотную подходили, что удивительно, почему не было четко сформулировано, что кельты первой половины I тыс до н. э., то есть времен Гальштата и Ла-Тене, практически неотделимы от славян (или праславян, что есть просто вопрос определений). Смотрим на записи В.В. Седова[146]:

– В сочинениях западноевропейских историков можно встретить утверждение, что славяне в древности назывались кельтами.

– Сравнительное историческое языкознание выявило степени родства и близости между различными индоевропейскими языками. Так, установлено, что славянский язык наиболее близок к балтским и германским… Поставлены вопросы о славянокельтских, славяно-иллирийских и славяно-фракийских контактных взаимоотношениях. В результате был сделан вывод, что древние славяне…скорее всего, также соседили с кельтами, фракийцами и иллирийцами.

– Главным же в построении этого исследователя (А.А. Шахматов) являются якобы существовавшие в древности контакты славян с кельтами…

– Анализ водных названий Западной Европы выявил древние ареалы кельтов, германцев, иллирийцев и фракийцев. После чего славянам не осталось здесь места (мое примечание – верно, если только древние ареалы кельтов и славян не совпадали).

– Границы праславянской территории на протяжении веков не оставались стабильными, в частности в последние века до нашей эры в юго-западные районы ее проникали кельты…

– …трудности возникают при исследовании древнекельтского влияния на праславянскую речь. Можно думать, что славянам в древности приходилось общаться с кельтскими племенами. Однако от кельтских языков Средней Европы не осталось почти никаких следов, а западнокельтские диалекты существенно отличны от них. Поэтому гипотезы о славянокельтских языковых связях часто не принимаются во внимание. Остаются несомненными лишь несколько праславянских слов, хорошо этимологизирующихся на почве кельтских языков.

– …интересными и важными представляются наблюдения

О.Н. Трубачева, исследовавшего этнонимию древней Европы, еще не охваченной государственными образованиями. Оказывается, что тип раннего славянского этнонима ближе всего стоит к иллирийской, фракийской и кельтской этнонимии.

– Лужицкая культура получила распространение в Центральной Европе… Ее приписывали германцам, кельтам, славянам, иллирийцам, фракийцам.

– Около 400 г. до н. э. начинается движение кельтов в Центральную Европу. Постепенно кельтские племена занимают Верхнее и Среднее Подунавье, проникают в Адриатику и, двигаясь вдоль Карпат, достигают Чёрного моря. В III–II вв. до н. э. кельты расселяются в Силезии и Малой Польше и, очевидно, приходят в соприкосновение со славянами – носителями культуры подклошовых погребений. Таким образом, юго-западными соседями ранних славян некоторое время были кельты. Как отмечалось выше, следы славяно-кельтских языковых контактов выявляются, но полностью оценить их из-за исчезновения восточнокельтских языков не представляется возможным.

– Имеются некоторые косвенные свидетельства археологии, говорящие о непосредственных и тесных контактах славян с кельтами в древности. Так, языческий храм славян VII–VIII вв., остатки которого были выявлены и изучены раскопками в Грос Радене в Шверинском округе ГДР, по внешнему облику и деталям оказался очень похожим на культовые постройки кельтов.

Как мы видим, кельты часто упоминаются в одной связке со славянами. Похоже, это не случайно. Мы не будем здесь вдаваться в детальное обоснование предлагаемой здесь

146 Седов, В.В (1979). Происхождение и ранняя история славян. М.

гипотезы, просто ее обозначим. В основу гипотезы положим следующие соображения:

1. Язык кельтов – индоевропейский. В Европе до кельтов язык основных обитателей, носителей гаплогруппы R1b, был неиндоевропейским. Вместе с носителями гаплогруппы R1a, вытесненных из Европы на Русскую равнину, туда же перешел индоевропейский язык. Эрбины, носители гаплогруппы R1b, заселившие Европу начиная с начала III тыс до н. э., говорили на не-ИЕ языках. Баски – один из немногих реликтов эрбинов начала III тыс до н. э. (8590 % басков имеют гаплогруппу R1b, время жизни общего предка современных басков – примерно 4900 лет назад, то есть начало III тыс до н. э., см. ответ на Вопрос 104), и они говорят на неиндоевропейском реликтовом языке, языке-изоляте. За свою протяженную миграцию – тысячи километров пути из Южной Сибири за тысячелетия – носители гаплогруппы R1b нигде не оставили ИЕ языков – ни на Кавказе, ни в Месопотамии, ни на Ближнем Востоке, ни на Пиренеях (баски). В Индии эрбины не были, и ИЕ языки туда не приносили. Иначе говоря, крайне маловероятно, чтобы ранние кельты, начала – первой половины I тыс до н. э, со своим ИЕ языком, имели гаплогруппу R1b. Вероятнее всего, у них была гаплогруппа R1a, отсюда – индоевропейский язык кельтов.

2. С конца II – начала I тыс до н. э. в Европу передвигались многочисленные племена, носители гаплогруппы R1a (см. таблицу выше с перечислениями субкладов и датировками). В Австрии, родине кельтов (Гальштат) – самое высокое содержание R1a из всех центрально-европейских стран (19 %). Для сравнения – Бельгия (4 %), Англия (4.5 %), Франция (3 %), Западная Германия (9 %), Ирландия (2.5 %), Италия (4 %), Нидерланды (4 %), Испания (2 %, у басков -0%), Швейцария (3.5 %). Есть хорошая вероятность, что в Гальштат, на территории современной Австрии, продвинулась группа носителей R1a, говорящих на ИЕ языке.

3. Карта распространения кельтов по Европе в первой половине I тыс до н. э. (между IX и IV вв) ясно показывает, что это было не физическое их распространение, а культурное и языковое. Нереально, чтобы за несколько сотен лет кельты из Гальштата физически заняли практически всю Европу, плюс Британские острова. Такие темпы физической экспансии невозможны, и никаких свидетельств им нет. Чем определялась столь высокая скорость распространения кельтского языка и культуры – пока неясно, но это должны были быть в первую очередь экономические факторы. Видимо, говорить на кельтском языке стало престижно, как и следовать культским культурным традициям.

4. В итоге описанной культурной экспансии носителями кельских ИЕ языков через несколько веков в Европе стали в основном носители гаплогруппы R1b, преобладающей гаплогруппы в Европе. Иначе говоря, гаплогруппный состав ранних кельтов практически полностью сменился, от R1a на R1b. Действительно, трупоположение кельтов второй половины I тыс до н. э. уже характерно для эрбинов (см. обсуждение этого вопроса ниже). Недавний пример[147] – трупоположение кельского вождя V в. до н. э. на территории сегодняшней северо-восточной Франции (Lavau) – в вытянутом положении на спине, характерном для носителей гаплогруппы R1b.

При описаниях ранних кельтов к ним иногда относят фракийцев и иллирийцев, но, очевидно, в расчет не приняты праславяне (или славяне, в зависимости от определений славян), продвигающиеся с востока, со своим ИЕ языком.

Эта гипотеза выносится на обсуждение. Следующий шаг в разработке данной гипотезы заключается во внимательном рассмотрении археологии кельтов, с одной стороны, и указанных ветвей гаплогруппы R1a, и в идентификации общих факторов с обеих сторон.

Вопрос 95: **Откуда и когда в Европу пришли эрбины, носители гаплогруппы R1b, потомки которых сейчас составляют 60 % европейского мужского населения?**

147 Current World Archaeology, September 2015, Issue 72, pp. 16-20

Гаплогруппа R1b возникла (путем соответствующей снип-мутации в Y-хромосоме) между 16 и 22 тыс лет назад (первая – датировка по мутациям в гаплотипах, вторая – компанией YFull по снипам, но с довольно критическими допущениями, поскольку число снипов последней датировке не соответствует) в Южной Сибири. Там же, в Южной Сибири, найдена ископаемая гаплогруппа R с археологической датировкой 24 тысячи лет назад, хотя между R и R1b переход двухшаговый: R > R1 > R1b. Эрбины – это эквивалент понятию «древние носители гаплогруппы R1b». Эрбины (или их основное количество, потомки 60 % современных европейцев-мужчин) пришли в Европу примерно 4800 лет назад после длительной миграции из Южной Сибири через северный Казахстан, оставив после себя целый ряд археологических культур, далее через Среднюю Волгу, через Кавказ в Месопотамию, далее через Северную Африку и через Гибралтарский пролив до Пиреней, и заселили континентальную Европу и Британские острова, принеся в Европу неиндоевропейские языки. ИЕ языки носители гаплогруппы R1b приобрели уже в I тыс до н. э., предположительно от ранних кельтов.

Данные по распределению современных носителей гаплогруппы R1b в Евразии (в остальных частях мира носители гаплогруппы R1b – потомки выходцев из Евразии) были подробно рассмотрены в 2012 году[148], в статье, которая суммировала публикации того же автора за предшествующие несколько лет[149,150]. Было показано, что гаплогруппа R1b впервые появилась в Южной Сибири примерно 16 тысяч лет назад, и ее носители прошли долгим и длинным путем в Европу, прибыв туда около пяти тысяч лет назад. Они были названы мной эрбинами (от названия R1b), что эквивалентно более длинному названию «древние носители гаплогруппы R1b». Есть основания полагать, что язык эрбинов был тот, что в наше время получил название «дене-кавказские языки», выявленный в виде практически несвязанных между собой языковых «пятен» по всей Евразии, каждый из которых у лингвистов называется по-разному[151]. Поэтому, чтобы показать преемственность этих языков в их глоттохронологической динамике, язык эрбинов был тоже назван эрбином.

Поскольку середнячки в науке не приемлют новых идей, если они только не спущены сверху начальством, то с каждым новым фрагментом этого описания среди попгенетиков поднимался крик на лужайке. Сначала в штыки встретили, что гаплогруппа R1b прибыла в Европу около 5000 лет назад (мои публикации 2008–2009 гг), поскольку начальники от попгенетики утверждали, что R1b жили в Европе еще 30 тысяч лет назад, во времена неандертальцев. Позже было показано, что прибыла именно около 5000 лет назад (датировки по снипам компанией YFull дают для первых субкладов гаплогруппы R1b в Европе, R1b-P312 и R1b-U106, времена образования по 4900 лет назад). Так что этот вопрос уже закрыт, но признаний ошибок со стороны попгенетиков не последовало, это у них не принято. Далее в штыки попгенетиками было встречено, что гаплогруппа R1b образовалась в Южной Сибири[152], они, попгенетики, отправляли ее появление в Переднюю Азию или Анатолию,

---

148 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

149 Клёсов, А.А. (2008) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том1, № 4, 568–629.

150 Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

151 http://pereformat.ru/2014/04/arbins/

152 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105.

никаких данных на этот счет не приводилось, все было на общих словах. В 2013 году ископаемую гаплогруппу R нашли именно в Южной Сибири, неподалеку от Байкала[153],[154], с археологической датировкой 24 тысяч лет назад. Так что вопрос тоже фактически снялся, и опять, никаких упоминаний о более ранних публикациях. Далее, Балановский публично и в штыки встречает термин «эрбины», называя его «этносом», хотя какой этнос 10–15 тысяч лет назад? Про этнос у меня вообще ничего не было. Но Балановскому без искажений и передергиваний не обойтись, иначе критики не получается.

Итак, эрбины вышли из Южной Сибири (их сибирские древние потомки – каракольская культура) и прошли миграционным путем на запад, через северный Казахстан, от отрогов Южно-Уральских гор до полупустынь (в настоящее время) Приаралья, то есть через лесостепное и степное Притоболье (оставив там, видимо, маханджарскую культуру, суртандинские и терсекские памятники), ботайскую культуру, далее культуры самарскую и хвалынскую, средневолжскую, раннюю ямную, раннюю катакомбную, раннюю майкопскую, далее они прошли Кавказ и вышли в Месопотамию. В ямной культуре в Самарской области среди ископаемых гаплотипов найдены только R1b, с датировками между 5300 и 4600 лет назад[155]. На Кавказе большинство (более 90 %) гаплотипов гаплогруппы R1b относятся к субкладу L23, тому же, что и преимущественно у башкир. Датировки на Кавказе по гаплотипам гаплогруппы R1b дают примерно 6200 лет назад. Там же, на Кавказе – дене-кавказские языки.

Надо сказать, что часть эрбинов могли пройти в Месопотамию не через Кавказ, а напрямую, через Иранское плато. Там параллельно с шумерским государством существовало государство Элам. По некоторым данным, эламцы от шумеров заимствовали клинопись, вытеснившую с середины III тысячелетия до н. э. местную иероглифику. К сожалению, эламская клинопись до сих пор не расшифрована, поэтому их язык нам неизвестен. Но установлено, что он не индоиранский, не флективный, а агглютинативный. Как пишет тюрколог Д. Лопаткин, «*по-видимому, из агглютинативных языков в том регионе мог быть лишь тюркский. Возможно, Эламское государство в Средней Азии было создано тюркоязычными племенами, и свою страну они назвали элем, что по-тюркски означает «моя страна» (Ил-ем > Эл-ем > Элам)».* Но вполне возможно и то, что язык в древнем Эламе был дене-кавказский, который и был фактически прототюркским. В таком случае никакого противоречия нет.

В качестве гипотезы выдвигается то, что государство шумеров (находилось в южной части Двуречья между реками Тигр и Евфрат) было образовано эрбинами. Оно существовало примерно 5500–3500 лет назад, по некоторым данным даже в V–III тысячелетиях до н. э. (примерно 6500–5000 лет назад), хотя обучение шумерскому языку в Междуречье продолжалось, по некоторым данным, вплоть до рубежа I-го века до н. э.).

---

153 Balter, M. (2013) Ancient DNA links native Americans with Europe. Science 342, 409–410.

154 Raghavan, M., Skoglund, P., Graf, K.E., Metspalu, M., A1brechtsen, A., Moltke, I., Rasmussen, S., Stafford Jr. T.W., Orlando, L., Metspalu, E. et al. (2013) Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. Nature, doi:10.1038/nature12736

155 Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Banffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R.G., Hallgren, F., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kunst, M., Kuznetsov, P., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Nicklisch, N., Pichler, S.L., Risch, R., Guerra, M.A.R, Roth, C., Szecsenyi-Nagy, A., Wahl, J., Meyer, M., Krause, J., Brown, D., Anthony, D., Cooper, A., Alt, K.W., Reich, D. (2015) Massive migration from the steppe is a source for Indo-European languages in Europe. Nature 522, 207–211.



Рис. 37. Государство шумеров находилось в южной части Двуречья между реками Тигр и Евфрат, по некоторым данным, даже в V–III тысячелетиях до н. э. (примерно 6500–5000 лет назад).

В целом принято считать, что ассирийцы – потомки шумеров. В базах данных есть Ассирийский проект FTDNA, в нем из всех гаплогрупп самая большая группа – R1b. В ней практически все гаплотипы – древнего субклада L23 и его ближневосточной ветви L584. Группа R1b составляет 19 гаплотипов из всех 65, представленных в Проекте, то есть 29 % от всех гаплотипов проекта, но это те, кто проходил тестирование коммерческое, за деньги. При столь малых выборках там вполне возможны искажения по численности. Исследование по научным правилам дало долю 40 % гаплогруппы R1b среди ассирийцев, ближайшая за ней гаплогруппа J заняла только 11 %, остальные были единичными процентами[156]. Столь высокое содержание гаплогруппы R1b, как отмечают авторы, очень необычно для южной Месопотамии, где доминируют гаплогруппы J1 и J2. Расчеты по 12– и 25-маркерным гаплотипам дали 5000–6000 лет до общего предка гаплогруппы R1b у ассирийцев, это действительно шумерские времена.

Итак, мы имеем связку гаплогруппы R1b от Алтая до Кавказа и до Южной Месопотамии через ассирийцев – предположительных потомков шумеров. У нас есть не очень уверенные гипотезы лингвистов, что шумерский язык мог относиться к дене-кавказской группе языков. Мы имеем миграционный путь гаплогруппы R1b с Ближнего Востока до Пиреней, а именно до басков, которые на 85–90 % имеют гаплогруппу R1b, и

156 Lashgary, Z., Khodadadi, A., Singh, Y., Houshmand, S.M., Mahjoubi, F., Sharma, P., Singh, S., Seyedin, M., Srivastava, A., Ataee, M., Mohammadi, Z.S., Rezaei, N., Bameza1, R.N., Sanati, M.H. (2011) Y chromosome diversity among the Iranian religious groups: a reservoir of genetic variation. Ann Hum Biol 38 (3),364–371.

говорят на дене-кавказских языках, причем по ряду данных язык басков перекликается с северо-кавказскими языками. Наконец, мы имеем путь доставки драгоценного (в те времена) камня лазурита (ляпис-лазури), который принципиально повторяет миграционный путь эрбинов из Центральной Азии в Междуречье (к шумерам) и далее в Египет, о чем речь пойдет ниже.

Для гипотезы достаточно, а для ее превращения в теорию нужно будет показать, что ископаемые гаплотипы древних шумеров действительно относятся к гаплогруппе R1b, и что агглютинативный язык шумеров действительно мигрировал по Евразии со стороны Южной Сибири. Было бы важным подкреплением для теории найти, что шумерский язык перекликается и с прототюркскими языками. Это привело бы в крепкое соответствие связку между языком эрбин, дене-кавказскими и прототюркскими языками, которая стала бы фактически тождеством, приравнивающим все три языка, в их динамике на протяжении тысячелетий.

Из Месопотамии эрбины направились в Северную Африку, в Египет, что не удивительно, поскольку между шумерами и египтянами существовали устойчивые культурые и торговые связи. В Африке дене-кавказских языков лингвистами не отмечено, хотя эрбины прошли через Египет более пяти тысяч лет назад, и, видимо, посадили на престол фараона одного из своих влиятельных людей[157]. Напомним только, что у фараона Тутанхамона оказалась гаплогруппа R1b, но очень древнего субклада с возрастом 7 тысяч лет, и с очень древним гаплотипом, которых в Европе почти нет. Так что опасения тогдашнего руководства Египта, что фараоном оказался европеец, оказались напрасными. Впрочем, они этого не знают, поскольку про гаплотипы, скорее всего, не имеют понятия.

В целом, концепция миграции эрбинов по северной Африке (включая Египет) со стороны Ближнего Востока имеет ряд оснований, и продолжает оставаться концепцией. В итоге, примерно 5000 лет назад эрбины достигли Атлантики, переправились через Гибралтар, и 4800 лет назад они уже были на Пиренеях. Эта датировка получается при сопоставлении базовых (предковых) гаплотипов субкладов R1b-P312 и U106. Эта же датировка принята в археологии за начало (в Португалии) культуры колоколовидных кубков (ККК), которые двинулись на север, в континентальную Европу. Их язык был неиндоевропейским. Соответственно, ККК наводнили Европу неиндоевропейскими языками, которых насчитывают десятки. Гаплогруппы «Старой Европы» были уничтожены или бежали на окраины Европы, и большинство их прошли «бутылочное горлышко» популяций и фактически возродились через 1000–1500 лет в других регионах Европы и Азии. Общие предки современных носителей субкладов датируются в диапазоне 4600 (R1a) – 4500 (G2a) – 3600 (I1) – 3600 (E1b-V13) – 2300 (I2a-M423 в Восточной Европе) лет назад, хотя их ископаемые субклады значительно более древние.

ДНК-генеалогия показывает, что баски – относительно недавняя популяция, в которой 85–90 % мужского населения имеет гаплогруппу R1b, они прибыли на Пиренеи не ранее 4800 лет назад. Их язык – эускера (эускара) – является неиндоевропейским, и его относят к дене-кавказским языкам. ДНК-генеалогия с этим полностью согласна. Интересно то, что, как обычно в лингвистике, имееется море фантазий о происхождении как самих басков, так и баскского языка. И эти фантазии, к сожалению, капитально дискредитируют методологию лингвистического подхода. Провозглашают, что баски – древнейший народ Европы, что они жили в Европе совместно с неандертальцами, и так далее, нет смысла цитировать. На самом деле, гаплогруппа у басков – типично европейская, гаплотипы тоже, общий предок современных басков – от 4000 до 4900 лет назад, в зависимости от выборок, геномные исследования показывают, что баски ничем не отличаются от остальных европейцев гаплогруппы R1b. В итоге, эрбины принесли в Европу массу неиндоевропейских языков, все

---

157 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105

или большинство которых, видимо, могут быть отнесены к дене-кавказским языкам или их потомкам. Только в период начала-середины I тыс. до н. э. Европа стала обратно переходить на индоевропейские языки, языки гаплогруппы R1a, которые покинули Европу около 5 тысяч лет назад. Начало этого перехода положили кельты, носители ИЕ языков (см. ответ на вопрос 94 выше). Так, Европа опять стала по языку индоевропейской, и продолжает оставаться до настоящего времени. Круг замкнулся.

Эта тема была подробно рассмотрена с точки зрения языкознания, археологии и ДНК-генеалогии в книге «Славяне, кавказцы, евреи – с точки зрения ДНК-генеалогии» (А.А. Клёсов, «Книжный мир», 2015), в главе «Откуда взялись «Новые европейцы»»? (стр. 260–350).

Вопрос 96: **Действительно ли индоевропейские языки пришли в Европу с носителями ямной культуры, как утверждают в публикациях в журнале Nature (2015) популяционные генетики** [158]?

Нет, это неверно. Попгенетики пали жертвой своей же крайне несовершенной методологии изучения генома человека, к тому же сдобренной пристрастиями, не имеющими к науке отношения.

Если крайне сжато, то суть цитируемой работы генетиков была в том, что они нашли в ямной культуре ископаемые ДНК, для которых определили гаплогруппу R1b1a2a2, с датировками (в годах до н. э.) 2910–2875, 3021–2635, 3300–2700 (три образца), 3305–2925, 3339–2917. После их перечисления (в приложении к статье) они к гаплогруппам больше не обращались. Изучение ископаемого генома показало, что он похож на геном современных европейцев. Постулируя (или, скорее, основываясь на воззрениях М. Гимбутас), что носители древней гаплогруппы R1b говорили на ИЕ языках, и основываясь на сходстве геномов, они заключили, что ямники или их прямые потомки напрямую прошли на запад, в Европу, и принесли ИЕ языки. Заметим, что ископаемые ДНК языки не показывают, а ископаемые ДНК– это всё, что у авторов статьи было. Про языки они уже сами придумали.

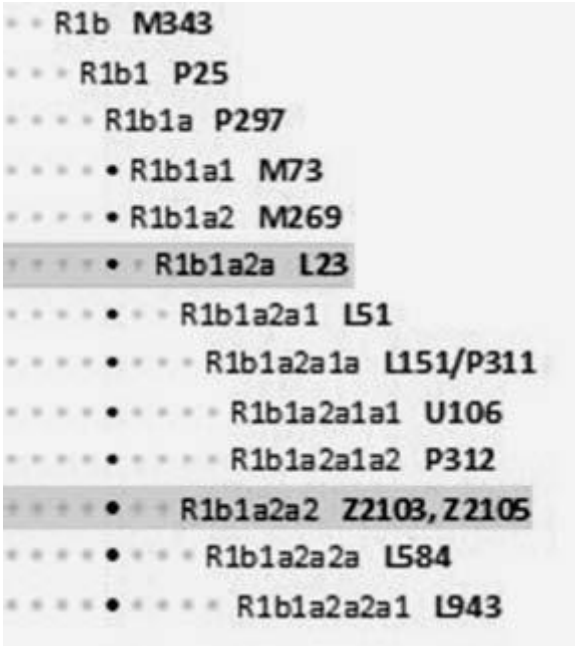
Здесь – гроздь недоразумений и ошибок, впрочем, совершенно типичных для современных геномных исследований. Во-первых, никто и никогда не показал, что древние носители гаплогруппы R1b говорили на ИЕ языках. Нигде, где проходили их миграции, не было индоевропейских языков – ни в Северном Казахстане 14-6 тысяч лет назад, ни в ботайской, хвалынской или самарской культурах 12-8 тысяч лет назад, ни в ямной культуре 5 тысяч лет назад, ни у шумеров, ни в древнем Египте, ни у басков. Всё, на чем основано это «соображение» – это старые работы М. Гимбутас, поддержанных Д. Энтони, который, кстати, один из авторов цитируемой статьи. Все эти взгляды относились к гаплогруппе R1a, прибывших с запада в южные степи и севернее, до Прибалтики, но никак не к гаплогруппе R1b, прибывшей с востока на тысячелетия раньше.

Далее, ошибкой было постулировать, что раз гаплогруппа R1b есть в ямной культуре 5000 лет назад, и она же есть в Европе сейчас, то она была напрямую перенесена из ямной культуры в Европу. На самом деле носители гаплогруппы R1b добрались до Европы кружным путем, а не напрямую. Видимо, основной путь был со стороны ямной культуры через Месопотамию, северную Африку и Пиренеи, и далее заселение Европы с юго-запада. Это уже давно не ямная культуры, и даже не их потомки. Да и там эти мигранты принесли не-ИЕ языки, баскский в первую очередь, да и потом, на протяжении двух тысячелетий, в

---

158 Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., Nordenfelt, S., Harney, E., Stewardson, K., Fu, Q., Mittnik, A., Banffy, E., Economou, C., Francken, M., Friederich, S., Pena, R.G., Hallgren, F., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kunst, M., Kuznetsov, P., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Nicklisch, N., Pichler, S.L., Risch, R., Guerra, M.A.R, Roth, C., Szecsenyi-Nagy, A., Wahl, J., Meyer, M., Krause, J., Brown, D., Anthony, D., Cooper, A., Alt, K.W., Reich, D. (2015) Massive migration from the steppe is a source for Indo-European languages in Europe. Nature 522, 207–211.

Европе было множество не-ИЕ языков.



Еще одна ошибка, на этот раз концептуальная, заключалась в том, что авторы цитируемой статьи не рассматривали снипы, ограничившись геномом с его массой приближений и допущений. Если бы авторы обратили внимание на снипы, а не плохо читаемую последовательность R1b1a2a2, опять погнавшись за формальным описанием, а не за сутью, то могли обратить внимание что это снип R1b-L23-Z2103,Z2105. В Европе его почти нет, значит, никакого переноса гаплогруппы ямников быть не могло, если только не принимать некие экзотические сценарии. Но в подавляющем большинстве этот снип находится в Месопотамии. Вот в какую сторону были миграции потомков ямников. Но миграции из Месопотамии уже не причем, этот снип так и остался в Месопотамии, до Пиреней он практически не дошел, до Пиреней дошли другие ветви субклада R1b-L23

На диаграмме выше видно, что субклад L23 расходится на две ветви – L51 и Z2103. L51 ушла в сторону Пиреней, и там образовала нижестоящие U106 и P312, которые стали родительскими для подавляющего большинства европейских R1b. Z2103 и Z2105 (это синонимные ветви) остались в Месопотамии.

Так что никаких ИЕ языков эрбины, будь то ямники или какие другие, в Европу не приносили.

Вопрос 97: **Откуда произошли славяне?**

Это – вопрос определений. Если под славянами понимать тех, кто сейчас говорит на языках славянской группы, то у них корни, то есть происхождение, расходятся в основном в три разные стороны. Первая – по численности – гаплогруппа R1a, которая охватывает около 50 % мужского населения среди этнических русских (то есть тех, для кого родной язык русский, предки которых живут в России на протяжении как минимум трех последних поколений, и кто считает себя русским), но в южных областях – Курской, Орловской, Белгородской – их насчитывается до 67 %. Доля R1a составляет около 50 % также в Белоруссии, Польше, Украине. Вторая – гаплогруппа I2, у русских, украинцев и белорусов составляет 15–20 %, это – так называемые «южные славяне», основная гаплогруппа балканских славян – сербов, хорват, боснийцев, македонцев. Третья – гаплогруппа N1c1, их больше всего у балтийских славян, или балтов, но в целом по европейской части России их примерно 14 %. У каждой гаплогруппы свое происхождение, поэтому говорить о едином происхождении славян «вообще» не

приходится.

Белорусы	R1a – 51%	I2a – 18%	N1c1 – 10%	R1b – 5.5%
Болгары	17%	20%	0.5%	11%
Боснийцы	16%	56%	0.5%	3%
Македонцы	14%	23%	0.5%	13%
Поляки	57.5%	5.5%	4%	13%
Сербы	16%	33%	2%	8%
Словаки	42%	16%	3%	15%
Словенцы	38%	21%	0	18%
Русские	48%	15%	14%	6%
Украинцы	45%	13%	7.5%	7.5%
Хорваты	24%	37%	0.5%	8.5%
Чехи	34%	9%	0.5%	22%
Литовцы	38%	6%	42%	5%
Латыши	40%	1%	38%	12%
«Северные русские»	29-32%	1-2%	51-61%	2-11%

Но есть определенные исторические закономерности. Современные носители гаплогруппы I2a в Восточной Европе имеют общего предка всего 2300 лет назад, то есть в конце старой эры. Эта группа на ранней истории была ограничена регионом Дуная, и это они сыграли основную роль в том, что предков славян историки отправляли на Дунай. Немногим раньше, в середине I тыс до н. э., то есть примерно 2500 лет назад, к Балтике вышли носители N1c1, которые приняли индо-европейские языки от бытовавших там древних носителей R1a, что в итоге сложило так называемое балто-славянское единство. Таким образом, это тоже относительно недавнее образование, с корнями, расходящимися в разные стороны, в глубокую древность. У гаплогруппы N1c1 – на Урал, примерно 3500–4000 лет назад, далее – в Сибирь и на Алтай. У гаплогруппы R1a – в фатьяновскую культуру и далее в культуру боевых топоров (R1a-Z645-Z280), еще глубже – в субклад R1a-Z645, то есть субклад древних ариев. Одни потомки этого субклада ушли как арии в Месопотамию, на Иранское плато, в Индию, в Зауралье, где стали скифами субклада R1a-Z645-Z93-Z2124, другие остались на Русской равнине как древние русы (Z280 и нисходящие субклады). Часть из них переместились на Балтику и в прилегающие регионы (среди них – висло-одерский регион), и постепенно перешли от древнерусского языка русов к языкам славянской группы.

Приведем показательный пример. Он относится к поморской, или, как ее называют на Западе, померанской культуре. Она играла, по концепции В.В. Седова, важнейшую роль в начальном становлении славянства. **Эта культура датируется в археологии периодом VI–II вв. до н. э** ., и предшествует культуре подклешевых погребений (IV–I вв. до н. э.). Люди, которые живут в настоящее время на территории этой культуры, имеют характерные метки в своих ДНК, которые передаются из поколения в поколение на протяжении тысячелетий, и практически бесконечно, как многократно показано в настоящей книге. Если посмотреть, кто сейчас живет на территории поморской культуры, то окажется, что это почти исключительно носители субклада R1a-Z280-L365, или, если записать его более детально,

R1a-Z280 (4900) > CTS1211 (4800) > CTS3402 (4300) >
YP237(4300) > YP234 (3300)> L365(2700)

Здесь в скобках стоят датировки «лет назад». На диаграмме ниже показано расположение поморской культуры и полностью накладывающийся на нее ареал проживания современных носителей субклада R1a-L365. Запись на диаграмме та же самая, но несколько в другой номенклатуре, в которой CTS3607 есть синоним Y34 и синоним CTS1211.

Показанный пример иллюстрирует положение ДНК-генеалогии, которое на первый взгляд представляется почти невероятным – многочисленные потомки древних археологических культур и прочих древних популяций, племен, кланов, живут на тех же местах, на которых жили их предки. Разумеется, многие передвинулись на новые места, но многие остались. Консерватизм людей по отношению к местам обитания предков при рассмотрении данных ДНК-генеалогии впечатляет, и таких примеров можно приводить множество.

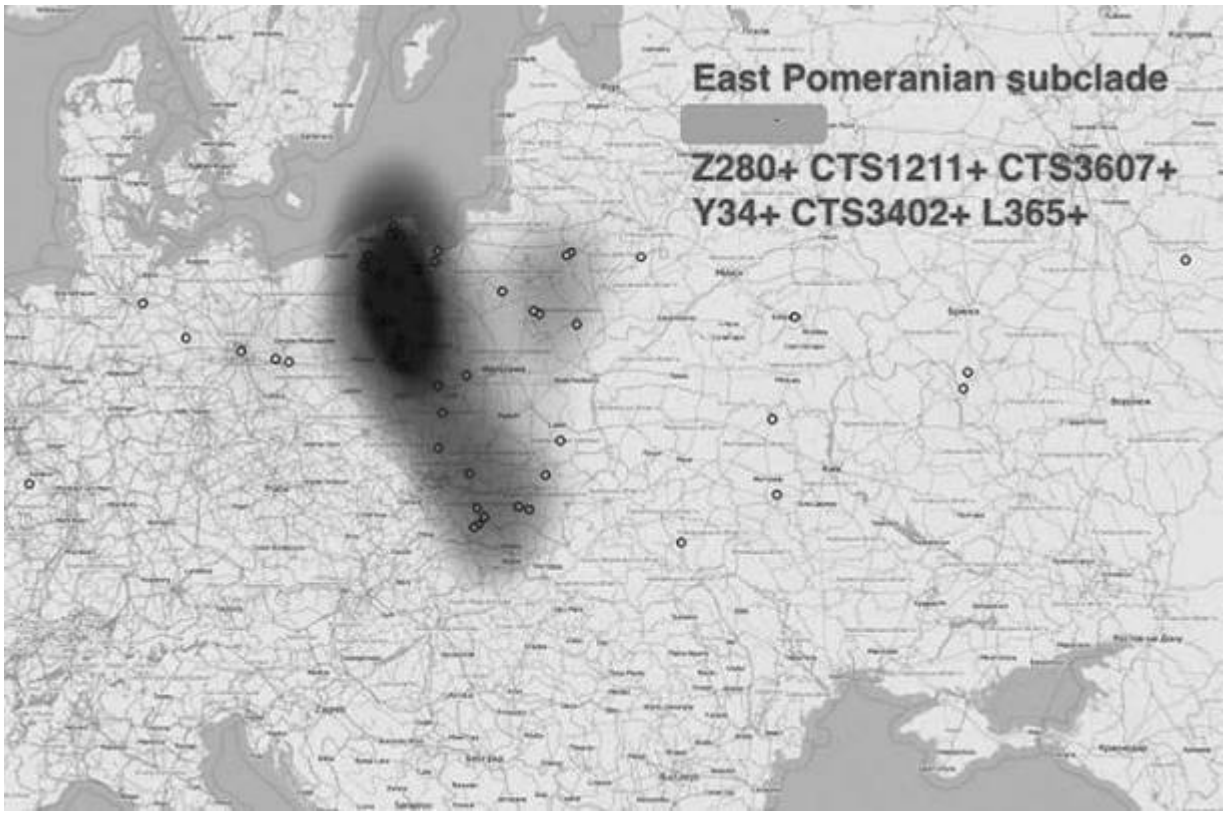


Рис. 38. Ареал современного расселения потомков поморской (померанской) культуры, имеющих в своих ДНК метку (снип) R1a-L365. Общий предок носителей данного снипа жил 400±250 лет до н. э. (датировка по гаплотипам, наши данные) и 700±700 лет до н. э. (датировка по снипам, данные компании YFull).

Итак, на карте выше показан ареал жизни потомков древней поморской (померанской) культуры, который совпадает с локализацией самой культуры, и в принципе с ее археологической датировкой, подтвержденной двумя независимыми способами при изучении картины мутаций в ДНК потомков (метод расчета по снипам менее точный, но принципиально независимый). Общий предок современных потомков этой культуры жил примерно в середине I тыс до н. э. ДНК-метка культуры – снип R1a-L365 (Рис. 39).

В целом по современному состоянию знаний (Рис. 39) снип R1a-L365 является лишь эпизодом в системе снипов, нисходящих от R1a-Z280, который образовался (тоже путем случайной мутации) примерно 2900 лет до н. э., и который, видимо, маркирует культуру шнуровой керамики. На диаграмме выше снип Z280 самый верхний. Это – так называемый субклад Русской равнины.

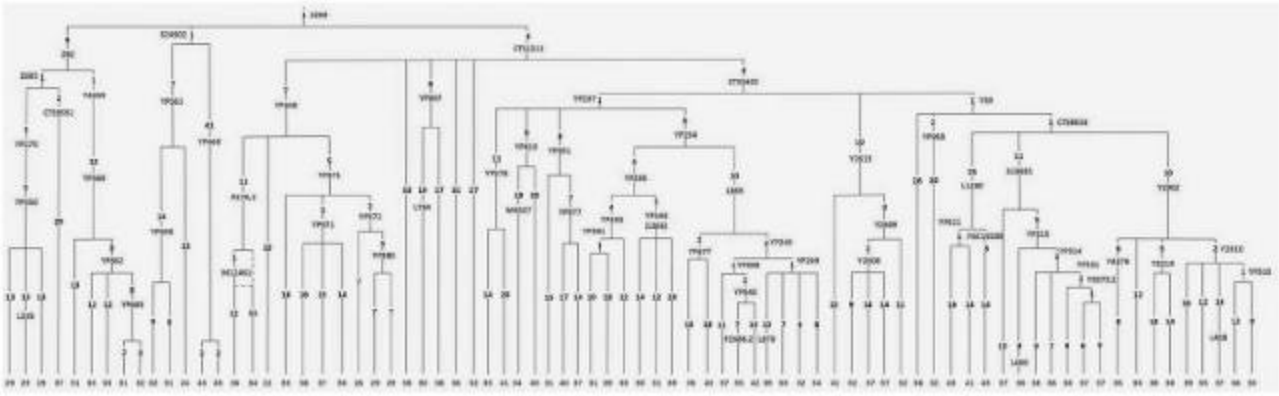


Рис. 39. Диаграмма нисходящих снипов (необратимых меток в Y-хромосоме) от субклада Rla-Z280, предположительно маркирующего культуру шнуровой керамики. Снип Z280 образовался примерно 2900 лет до н. э. Снип L365 (предположительно поморской культуры) находится в средней части справа. Диаграмма имеет общий иллюстративный характер, и более подробно показывает снип L365 при увеличении на рис. 40. Числа внизу диаграммы – суммарное количество снипов от образования Z280 до настоящего времени, то есть в Y-хромосомах тех, у кого идентифицировали показанные снипы. Диаграмма составлена компанией YFull.B принципе, числа внизу должны быть все одинаковыми, и их реальный разброс отражает реальную погрешность метода датировок по снипам.

От него нисходят три субклада – самый древний S24902 (центрально-евразийская ветвь, образована примерно 2800 лет до н. э.), Z92 (северо-евразийская ветвь, образована примерно 2600 лет до н. э.), и такая же по датировке и наиболее обширная CTS1211 (карпатская ветвь, образовалась примерно 2800 лет до н. э.). Одна из них представляет, видимо, фатьяновскую культуру, или пересекается с ней, потому что субклады не обязательно и безоговорочно характеризуют одну археологическую культуру, в исторической науке рассматриваются и полиэтнические культуры, или так они во всяком случае интерпретируются. Но поскольку каждый субклад по определению происходит от одного общего предка, патриарха, и культуры в древности с хорошей вероятностью объединяли родственные кланы, то гипотеза о том, что субклады и гаплогруппы (совокупности родственных субкладов) могут во многих случаях соответствовать археологическим культурам, не лишена смысла. Дискутировать по этому поводу бесполезно, это можно только проверять на практике, соотнося культуры и гаплогруппы-субклады.

Возвращаясь к поморской культуре как предтече славянской культуре подклешевых погребений (IV–I вв до н. э.), мы видим, что ей предшествует целый ряд субкладов, более наглядно показанных на рис. 40. После уже упомянутых снипов R1a-Z280 и CTS1211 следуют CTS3402 и YP237 (оба образовались примерно 2300 лет до н. э.), YP234 (1300 лет до н. э.), который может маркировать лужицкую культру, далее снип L365, предположительно маркирующий поморскую культуру, с датировкой 400±250 лет до н. э., и далее идут снипы, которые могут маркировать последующие славянские пшеворскую, зарубинецкую и другие культуры – с примерными датировками 100 лет н. э. (YP243) и 200 лет н. э. (YP389, YP269, YP940, F2686.2).

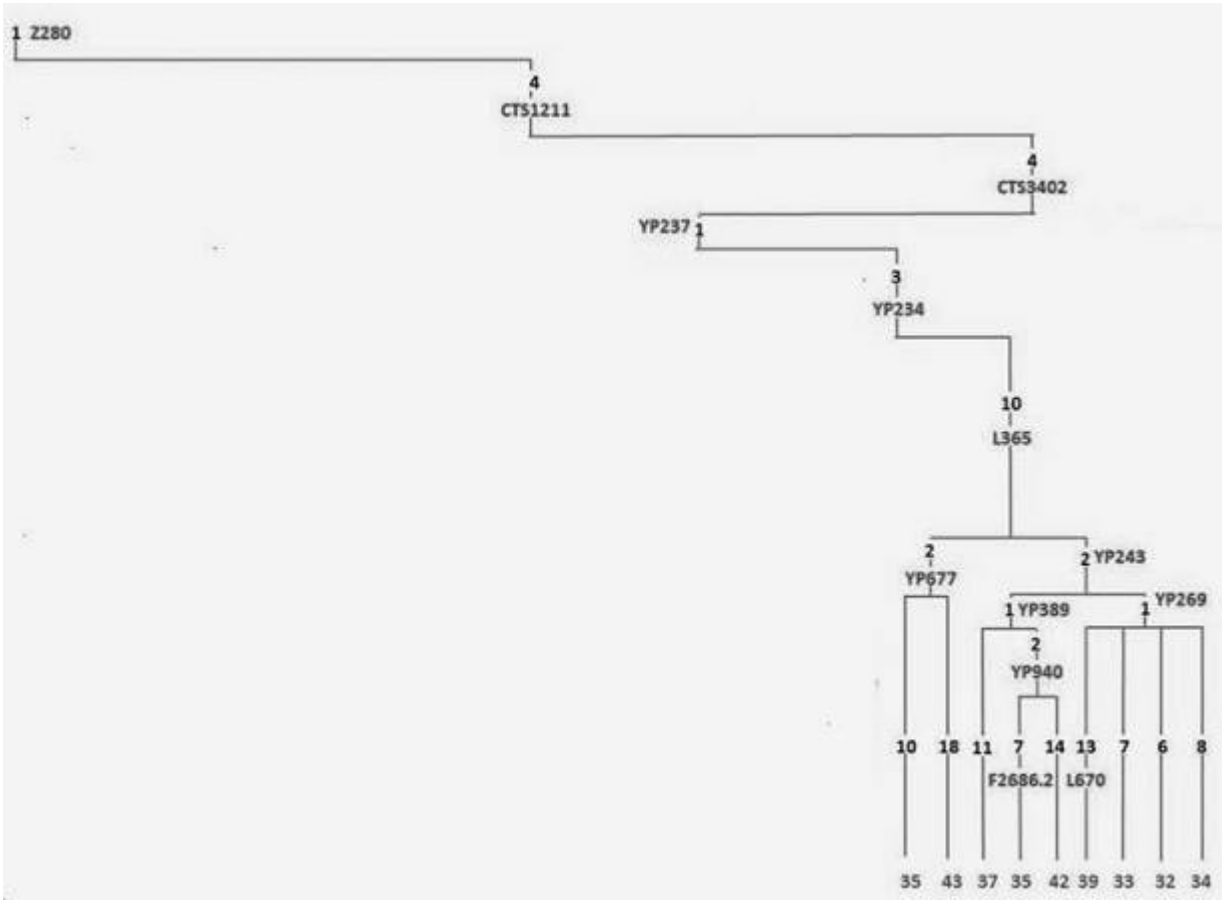


Рис. 40. Исторический (по мутациям в Y-хромосоме) путь от субклада R1a-Z280 (образовался примерно 2900 лет до н. э., предположительно ДНК-маркер культуры шнуровой керамики) до YP234 (образовался примерно 1300 лет до н. э.), который может маркировать лужицкую культуру, L365 (общий предок современных носителей снипа жил 2400±250 лет назад, предположительно маркер поморской культуры) и далее до серии снипов с примерными датировками 100 лет н. э. (YP243) и 200 лет н. э. (YP389, YP269, YP940, F2686.2).

Отнесение этих снипов к определенным культурам возможно только в сотрудничестве с археологами. Описанный выше материал приведен здесь скорее как иллюстрация возможностей ДНК-генеалогии в сотрудничестве с историками и археологами. Эти данные показывают, что снипы, предположительно маркирующие культуру шнуровой керамики, фатьяновскую культуру, культуры срубной культурно-исторической общности, лужицкую, поморскую, пшеворскую, зарубинскую и другие археологические культуры, являются звеньями в непрерывной цепи снипов, каждый из которых можно вполне определенно датировать

и относить к определенным географическим регионам. Если к этому добавить ископаемые ДНК, которые тоже типируются (то есть характеризуются) на снипы и гаплотипы, то при сопоставлении этих данных с материальными признаками, изучаемыми археологией, можно не только верифицировать имеющуюся в наличии и продолжающую поступать научную информацию, но переходить на другой уровень исторического анализа.

Вопрос 98: **Можно ли выявить по гаплотипам общего предка евреев и арабов, и если да, то когда он жил?**

Да, можно. Общий предок евреев и арабов жил примерно 4000 лет назад, его гаплотип (предковый, или базовый гаплотип) содержит характерную «подпись» аллелей, которая была идентифицирована почти 20 лет назад по гаплотипам евреев-

коэнов (или во всяком случае они так себя представляли), и в 6-маркерном формате (DYS 393, 390, 19, 391, 388, 392) она выглядит как 12 23 14 10 16 11. Разумеется, назвать это «модальным гаплотипов коэнов», как его назвали в конце 1990-х, было лишено большого смысла, так как, если следовать Библии, арабы, потомки библейского Авраама, в такой же степени удалены по времени от Авраама, как и библейский Аарон, брат Моисея, и у них должен наблюдаться подобный же, или практически идентичный гаплотип. Так и получилось, как показано ниже, хотя говорить, что у арабов массово наблюдается «гаплотип коэнов» не очень уместно. Уж если следовать Библии, этот предковый гаплотип стоит назвать гаплотипом Авраама, хотя, строго говоря, мы не знаем, как на самом деле звали общего предка арабов и евреев.

В базе данных гаплогруппы J1 находится 739 гаплотипов в 111-маркерном формате, многие из которых принадлежат арабам и евреям (ашкенази и сефардам), у многих евреев характерные, легко узнаваемые имена и фамилии, многие имели предков в Польше, Украине, Белоруссии, России, Литве; арабы – практически из всех арабских стран. Из этих 739 гаплотипов было построено 11-маркерное дерево, показанное выше на рис. 22. Из рисунка видно, что правая часть дерева состоит из «молодых» ветвей, то есть с недавними общими предками, на что указывает небольшая высота ветвей. Гаплотипов с характерной 6-маркерной «подписью» среди них нет. Напротив, в левой части из 248 гаплотипов (по часовой стрелке после выделяющейся древней ветви) почти половина (110 гаплотипов) имеют эту характерную подпись, у других эти шесть маркеров мутированы, как и должно быть после нескольких тысячелетий, прошедших от общего предка. Среди этих 248 гаплотипов левой ветви опять много евреев и арабов.

Все 248 гаплотипов имеют 6651 мутаций от базового гаплотипа:

12 23 14 10 13 18 11 16 11 13 11 30–18 8 9 11 11 25 14 20 25 12 14
16 17–11 10 22 22 15 14 18 18 32 36 12 10–11 8 15 16 8 11 10 8 11
9 12 21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12 12 11–34 15
8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9 11 11 10 11 11 29 11 13 22 15 11 10
20 15 20 10 23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11

что дает 6651/248/0.198 = 135 → 153 условных поколений, или 3825±385 лет до общего предка евреев и арабов. Калькулятор Килина-Клёсова дал следующие результаты по разным панелям гаплотипов и при расчете разными способами (без округлений):

111-маркерные гаплотипы 3849±388 лет
67-маркерные 4019±407
37-маркерные 3885±395
25-маркерные 4144±427
17-маркерные 3670±383
111-маркерные (квадратичный метод) 4116±339
22-маркерные (квадратичный метод) 4091±450

Как видно, датировки указывают на примерно 4000 лет до общего предка, причем сходимость между разными методами расчетов вполне удовлетворительная. В квадратичном методе расчеты ведутся по всем 111 индивидуальным маркерам.

Для справки – древняя на вид ветвь слева внизу, из 72 гаплотипов, действительно оказалась древней, ее общий предок жил 8469±858 лет назад, после округления 8500±900 лет назад. Это – реликтовые гаплотипы, видимо, от бедуинских древних предков. В те времена евреев еще не было.

Вопрос 99: **Каково происхождение цыган?**

Цыгане – выходцы из Индостана, это подтверждается их гаплогруппами (обычно

гаплогруппа H), а появление в Европе – датировками их общих предков (обыкновенно соответствующих таборов). Датировки эти обычно помещают общих предков цыган от 600 лет назад (например, в Болгарии) до 1000–1200 лет назад (в Хорватии).

Дам ответ на этот вопрос, приведя конкретный случай. В Академию ДНК-генеалогии обратился житель Молдавии, с просьбой помочь ему расшифровать гаплотип и выяснить гаплогруппу, которой обладатель гаплотипа не знал. Был представлен 67-маркерный гаплотип

12 22 15 10 15 18 11 12 11 14 11 30 – 19 9 9 10 12 24 14 19 30 12 12
14 16 – 11 11 19 21 15 11 19 16 38 38 12 9 – 12 8 16 16 8 12 10 8 11 9
0 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16 12 11 13 9 12 14 11

который при поиске подобных в базах данных с легкостью встроился в группу почти идентичных гаплотипов цыган гаплогруппы H, субклад M82. Схема субкладов этой гаплогруппы, ведущих к M82, следующая:

H L901
• H1 M69

• • H1a M52

• • • H1a1 M82

Когда полученный гаплотип был помещен на дерево из полусотни 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы H (отмечен индексом X на левой части дерева) то оказалось, что он встроился в плотную (значит, недавнюю) ветвь слева (гаплотип обозначен индексом X). Чем выше отходят гаплотипы от дерева, тем они более мутированы, значит – происходят от более древних общих предков. Чем ветвь компактнее, плотнее, тем более недавно жил общий предок.

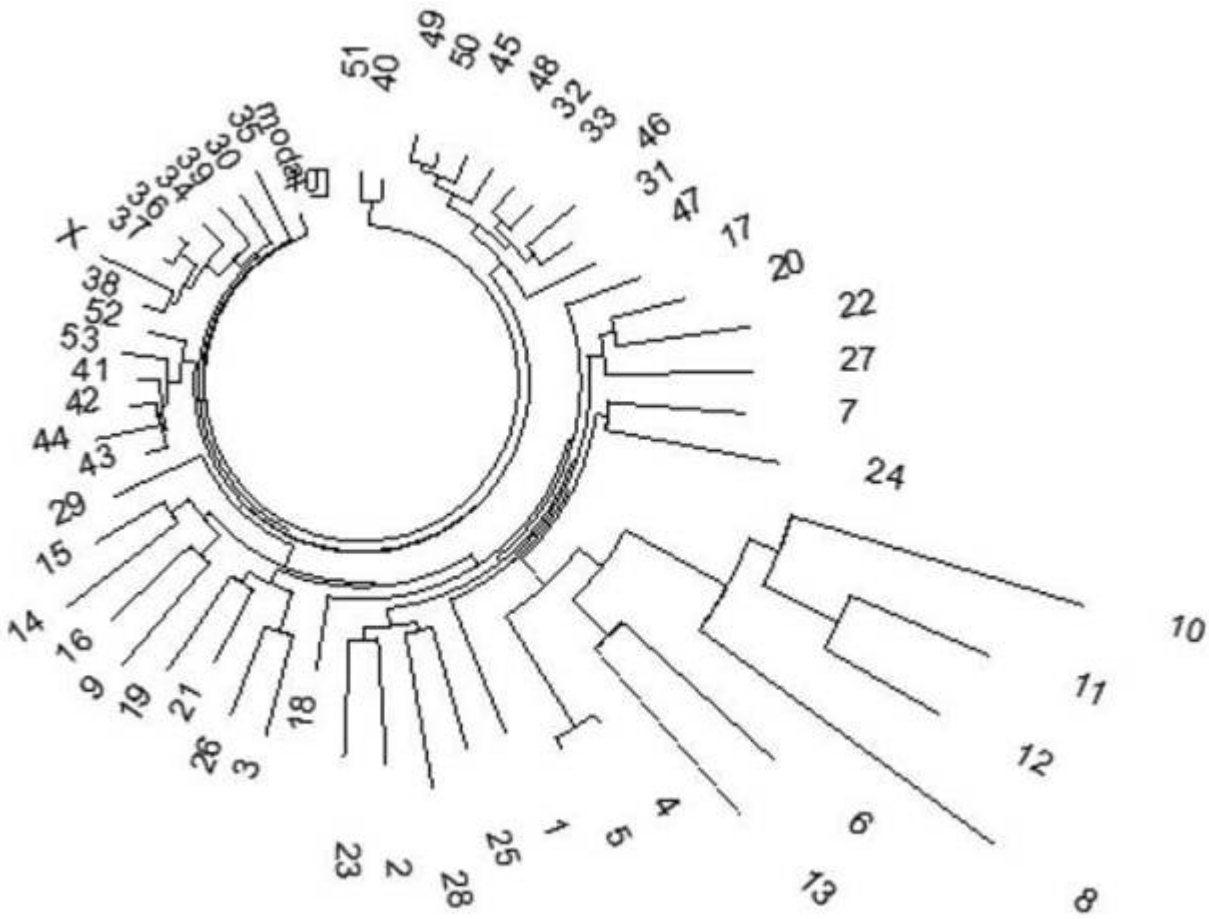


Рис. 41. Дерево из 54 гаплотипов гаплогруппы H в 67-маркерном формате. Плотная ветвь слева вверху из 8 гаплотипов – цыгане по происхождению, их общий предок жил 1200±230 лет назад. Рядом с ними, слева ниже – 6 английских гаплотипов, явно того же, цыганского происхождения, их общий предок жил 1000±220 лет назад.

Самая древняя ветвь дерева расположена справа внизу. Это – субклад H1-M69. Гаплотипов вышестоящего субклада H-L901 в базе данных нет (он образовался примерно 48 тысяч лет назад, и его носители могли за это время не выжить, или все получили нижестоящие снипы). Субклад M69 представляют в основном современные жители Ближнего Востока и Аравии – Саудовской Аравии (треть от всех), Ирака, Кувейта, а также один пакистанец.

К этой группе относятся гаплотипы под номерами 1-12, общий предок этой группы жил 9500±1070 лет назад. Обычно принято считать, что гаплогруппа H зародилась в Индии, но эти данные позволяют выдвинуть альтернативную гипотезу о ближневосточном или аравийском ее происхождении, с последущими миграциями в Индостан. Если добавить к этим 12 гаплотипам H1-M69 все три доступных гаплотипа нижестоящего субклада M52 (два из Индии и один из Саудовской Аравии), то датировка времени жизни общего предка будет немного моложе (формально – на 7 поколений ближе к нам), но в пределах погрешности расчетов – 9175±1010 лет назад.

Слева внизу на дереве – гаплотипы из Индии, Пакистана, Турции, которые имеют еще более нижестоящий субклад – M82. На 13 гаплотипов этой группы приходится 214 мутаций от базового (предкового) гаплотипа

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 – 17 9 9 10 12 23 14 19 32 12 12
14 15 – 10 11 19 21 15 11 17 17 34 37 12 9 – 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9
13 21 21 19 10 12 12 15 8 13 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11

что дает «возраст» общего предка этой группы 214/13/0.12 = 137 → 159 условных поколений, то есть 3975±480 лет. Кстати, если выделить из этой группы только индийские гаплотипы, то их общий предок жил 4750±610 лет назад. Мы можем заключить, что индийские гаплотипы могут быть старше турецких, хотя все это в пределах погрешности расчетов.

Мы уже вплотную приблизились к относительно недавним ветвям того же субклада H1a1-M82. Принято считать, и к этому есть основания, что субклад M82 был принесен в Европу цыганами, или рома, как их сейчас все чаще называют на Западе, примерно 1000–1200 лет назад, в 9-11 вв нашей эры, и их потомки, которые сейчас уже не цыгане, во всяком случае по жизненному укладу, имеют общих предков (по регионам), которые жили 900600 лет назад. Примеры этого мы видим и на дереве гаплотипов, приведенном выше, в виде трех отдельных групп гаплотипов.

В одну группу (субклад M82) входят гаплотипы под номерами 30, 34–36, 38, 39 и X). Эти гаплотипы предоставили их носители с предками из Украины (30), Италии (35), Англии (36; 37 – это дубль, который не засчитывается), Болгарии (39) и Молдовы (X), остальные данные не предоставили. Все семь гаплотипов имеют 39 мутаций от базового гаплотипа

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 – 18 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12
14 15 – 11 11 19 21 15 11 18 16 35 38 12 9 – 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9
0 20 21 18 10 12 12 16 8 14 23 20 16 12 11 12 9 12 14 11

что дает 39/7/0.12 = 46 → 48 условных поколений, или 1200±230 лет до общего предка ветви.

Соседняя группа (гаплотипы 41–44 и 52–53, все субклада M82) состоит полностью из английских гаплотипов, и имеет возраст несколько моложе – там на шесть гаплотипов приходится 27 мутаций, что дает 27/6/0.12 = 38 → 40 условных поколений, или 1000±220 лет до общего предка.

Наконец, ветвь из девяти гаплотипов (все субклада M82, номера 31–33, 45–50) в верхней правой стороне дерева состоит из шотландских гаплотипов, за исключением гаплотипа 47, из Мексики. Он несколько выходит за пределы ветви, или, скорее, лежит в ее основании. Все девять гаплотипов имеют 35 мутаций, что дает 35/9/0.12 = 32 → 33 условных поколений, или 825±160 лет до общего предка. Если удалить мексиканский гаплотип, то получим 675±150 лет до общего предка для шотландцев субклада M82.

Таким образом, картина достаточно ясна и наглядна. Корни искомой ДНК-линии, скорее всего, в цыганах, которые тысячелетие назад пришли из Индии. Иногда бывает, что в семейных преданиях о цыганах-предках ничего не известно, и ДНК-линия могла быть приобретена кружным путем, или просто тайным.

В данном случае завязалась переписка, и оказалось, что цыганское происхождение для нашего респондента оказалось новостью, поначалу для него не очень приятной. Но потом он сопоставил некоторые факты и наблюдения, и пришел к выводу, что так и есть, и это надо просто принять как должное.

Чтобы понять, насколько могут быть сходны гаплотипы, приведем шесть гаплотипов группы, которая в базе данных названа «цыганской», последний, седьмой – гаплотип нашего респондента. Для начала приведем только первые 35 маркеров:

12 22 15 10 15 16 11 12 11 14 11 30 19 9 9 10 12 23 14 19 31 12 12 14
15 11 11 19 21 15 11 18 16 35 38

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 16 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12 14
15 11 11 19 21 15 11 18 16 35 38

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 17 9 9 10 12 24 14 18 31 12 12 14

15 11 11 19 21 15 11 17 17 35 37

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 17 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12 14
16 11 11 19 21 15 11 18 16 35 38

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 17 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12 14
16 11 11 19 21 15 11 19 16 35 38

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 30 18 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12 14
15 11 11 19 21 15 11 19 16 35 36

12 22 15 10 15 18 11 12 11 14 11 30 19 9 9 10 12 24 14 19 30 12 12 14
16 11 11 19 21 15 11 19 16 35 38

Теперь приведем остальные маркеры, от 36 до 67:

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 21 21 18 10 12 12 16 8 14 23 20 16
12 11 12 9 12 14 11

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16
12 11 12 9 12 14 11

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 21 21 18 10 12 12 16 8 13 23 20 16
10 11 12 9 12 14 11

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 19 21 18 10 12 12 15 8 14 22 20 16
12 11 12 9 12 14 11

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16
12 11 12 9 12 14 11

12 9 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 **0** 19 21 17 10 12 12 16 8 14 24 20 16
12 11 12 9 12 14 11

12 9 12 8 16 16 8 12 10 8 11 9 **0** 19 21 18 10 12 12 16 8 14 22 20 16
12 11 13 9 12 14 11

Особенно впечатляет нулевой маркер, выделен жирным шрифтом. Это – редкая, характерная особенность в некоторых гаплотипах, которая маркирует родственников.

Мы видим, что гаплотипы потомков цыган, включая нашего коллегу, почти идентичны. Немногие мутации набежали за тысячу лет, что не удивительно. Так что вероятность того, что наш коллега – потомок цыгана из этой группы, выше 90 %.

Вопрос 100: **Действительно ли среди гаплогрупп евреев одна из наиболее представительных – гаплогруппа R1a, как и у половины этнических русских? Она пришла к евреям от русских?**

Нет, но у евреев этой гаплогруппы и у русских – общие предки, которые жили более четырех тысяч лет назад, с тех пор гаплотипы современных евреев и современных этнических русских разошлись довольно далеко. Поэтому их гаплотипы заметно различаются.

Более десяти лет назад в академической литературе были опубликованы данные[159], что среди евреев-ашкенази примерно 10 % имеют гаплогруппу R1a. Но у евреев много разных гаплогрупп, поэтому 10 % – это сравнительно большая величина для одной гаплогруппы. Более того, оказалось, что гаплогруппу R1a имеют, в основном, левиты, потомки Левия, корни которого ведут непосредственно к Иакову, Исааку и Аврааму, если следовать Библии, хотя это не научный источник. В конце 2013 года вышла детальная статья о левитах[160], и было обнародовано, что из всех «разноплеменных» ашкенази 15 % имеют гаплогруппу R1a (87 человек из 600 тестированных ашкенази), а у левитов этот процент, имеющих гаплогруппу R1a, поднимается уже до 65 %, то есть две трети от всех. Сначала было объявлено, что в этом виноваты славяне, которые якобы вбросили свою славянскую гаплогруппу R1a в еврейскую среду, видимо, через семью левита, и потом уже она там размножилась.

Вообще среди попгенетиков до сих пор царит убеждение, что гаплогруппа R1a – это славяне. В статье 2010 года[161] они, попгенетики, так и пишут – «эти примеси могли произойти от украинцев, поляков или русских». Но авторы, рассуждая о гаплогруппе R1a у евреев, не потрудились взглянуть на их гаплотипы, которые заметно отличаются от таковых у славян гаплогруппы R1a. Давайте посмотрим, и при этом перейдем на более точные 111-маркерные гаплотипы. Базовый (то есть предковый) 111-маркерный гаплотип современных евреев имеет датировку общего предка примерно 1300 лет назад:

13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 – **14** 9 **11** 11 11 24 14 20 **30** 12
12 15 **15** – 11 11 19 23 **14** 16 **19 20** 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10
8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 **14** 8 14 23 21 12 12 11 13 **10** 11 12 13 –
32 15 9 **17** 12 **27** 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 **12 25**
13 9 10 **20** 15 20 11 23 15 12 15 **25** 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Следующий – базовый 111-маркерный гаплотип современных славян (точнее, этнических русских) гаплогруппы R1a, с датировкой примерно 4900 лет назад:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13–32 15
9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10
19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Между ними – 20 мутаций (отмечены), что показывает, что их общий предок, славян и евреев, расходится на 20/0.198 = 101 → 112 условных поколений по 25 лет в каждом, то есть на 2800 лет. Это, в свою очередь, помещает их общего предка на (2800+4900+1300)/2 = 4500 лет назад. Это – арии, естественно, гаплогруппы R1a. Здесь 0.198 – константа скорости

---

159 Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N and Weale, M.E. (2003) Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. Am. J. Hum. Genet. 73, 768–779.

160 Rootsi, S., Behar, D.M., Järve, M., Lin, A.A., Myres, N.M., Passarelli, B., Poznik, G.D., Tzur, S., Sahakyan, H., Pathak, A.K., Rosset, S., Metspalu, M., Grugni, V., Semino, O., Metspalu, E., Bustamante, C.D., Skorecki, K., Villems, R., Kivisild, R.T., Underhill, P.A. (2013) Phylogenetic applications of whole Y-chromosome sequences and the Near Eastern origin of Ashkenazi Levites. Nat Commun. 4, 2928.

161 Atzmon, G., Hao, L., Pe'er, I., Velez, C., Pearlman, A., Palamara, P.F., Morrow, B., Friedman, E., Oddoux, C., Burns, E., Ostrer, H. (2010) Abraham's Children in the Genome Era: Major Jewish Diaspora Populations Comprise Distinct Genetic Clusters with Shared Middle Eastern Ancestry. Am J Hum Genet. 86(6), 850–859.

мутации для 111-маркерных гаплотипов, стрелка – табличная поправка на возвратные мутации, и способы расчетов уже пояснялись ранее. Таким образом, славяне тут не при чем. Арии вышли с Русской равнины, одна волна их направилась на юг, через Кавказ в Месопотамию, и там они вошли в близкий контакт, в буквальном смысле слова, с предками современных евреев. Так гаплогруппа R1a вошла в еврейскую среду. Несколько ранее 1300 лет назад, то есть уже на излете 1-го тыс. нашей эры, носители гаплогруппы R1a евреев прошли бутылочное горлышко популяции, попросту говоря, почти исчезли, и 1300 лет назад их ДНК-линия возродилась. Практически все современные евреи гаплогруппы R1a – потомки того выжившего общего предка 1300 лет назад, который волей судьбы оказался левитом.

Вопрос 101: **Как соотносятся евреи и арабы гаплогруппы R1a?**

Их общий предок жил примерно 4000 лет назад, как и в гаплогруппе J1 и в гаплогруппе J2. Получается, что принципиальное, на тысячелетия, расхождение евреев и арабов было не от некого конкретного общего предка, а «поперек» разных гаплогрупп. Так что не исключено, что Авраам – имя собирательное.

Базовый 111-маркерный гаплотип арабов и других народов Ближнего Востока гаплогруппы R1a имеет следующий вид, и возраст общего предка – примерно 4050 лет[162]:

13 25 16 **11** 11 14 12 12 10 13 11 30 – **15** 9 **10** 11 11 24 14 20 **32** 12 **15**
15 **16** – 11 **12** 19 23 **16** 16 **18 19 34** 38 **13** 11–11 8 17 17 8 **11** 10 8
11 10 12 22 22 15 10 12 12 **13** 8 14 23 21 **13** 12 11 13 **11** 11 12 13 – 32
15 9 **15** 12 **26** 27 19 12 12 **13** 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 **13 24** 13 9
10 **19** 15 **19** 11 23 15 12 15 **24** 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Между ним и гаплотипом R1a у евреев – 27 мутаций (отмечено), что разводит их общих предков на 27/0.198 = 136 → 158 условных поколений, то есть на 3950 лет. Это в свою очередь помещает их общего предка на (3950+4050+1300)/2 = 4650 лет назад. Это – опять арии, в пределах погрешности расчетов. Получается, что в гаплогруппе R1a как евреи, так другие народы Ближнего Востока ведут свою ДНК-генеалогию от древних ариев. И вот в этой генеалогии был один общий предок, живший 4000 лет назад, который дал линии как евреев, так и арабов, причем не просто арабов, а тех, которые сейчас наиболее ортодоксальные. Это – Саудовская Аравия, ОАЕ, Катар, Кувейт. Интересно, что общий предок евреев и арабов в гаплогруппе J1 жил те же 4000 лет назад, как и в гаплогруппе J2.

Я не случайно упомянул про гаплогруппу R1a у арабов. Дело в том, что арии, которые отправились на юг с Русской равнины, пройдя Месопотамию, достигли Аравийского полуострова, и оставили там гаплогруппу R1a. Таким образом, гаплотипы R1a у арабов определяют границы ареала походов древних ариев. Времена этих походов в Аравию – примерно 4 тысячи лет назад. Гаплотипы – типичные арийские, с Русской равнины, те же, что у индийских и иранских потомков ариев. Действительно, давайте сравним предковые гаплотипы с Русской равнины (4900 лет назад) и гаплотипы арабов Ближнего Востока (4050 лет назад):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 11 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11–11 8 17 17 8 12 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13–32 15
9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10
19 15 20 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

162 Rozhanskii, I.L. and Klyosov A.A. (2012) Haplogroup R1a, its subclades and branches in Europe during the last 9000 years. Advances in Anthropology, v. 2, No. 3, 139-156

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30–15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 **12** 19 23 16 16 18 19 **34** 38 **13** 11–11 8 17 17 8 **11** 10 8 11
10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 **13** 12 11 13 11 11 12 13–32 15
9 15 12 26 27 19 12 12 **13** 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10
19 15 **19** 11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Между ними всего 7 мутаций, которые разводят общих предков современных славян гаплогруппы R1a и арабов гаплогруппы R1a на 7/0.198 = 35 → 36 условных поколений, то есть всего на 900 лет. Общий их предок жил (900+4900+4050)/2 = 4925 лет назад, и это опять же арии, которые и появились на Русской равнине примерно 4900 лет назад. Все датировки общих предков, приведенные выше – 4500, 4650, 4925 лет назад – все в пределах погрешности расчетов, которые составляют примерно плюс-минус 10 %.

В настоящее время гаплогруппа R1a среди арабов достигает 9 % от мужского населения[163], в том числе в таких знаменитых кланах, как клан Курейш, из которого вышел пророк Магомет (он же Мухаммад), основатель ислама, и его клан упоминается в Коране. Напрашивается аналогия с высшими кастами в Индии, где гаплогруппа R1a достигает 72 %. Похоже, что история с прибытием ариев, которые, по сути, вошли в высшую касту, была и на Аравийском полуострове, только она пока не так известна, как история с индийскими и иранскими ариями.

Вопрос 102: **Кто произошел от алан – карачаево-балкарцы, осетины или ингуши?**

Окончательного ответа на этот вопрос пока нет, но его рассмотрение само по себе интересно и познавательно. К сожалению, вопрос этот очень политизирован, и его обсуждение вызывает бурные эмоции, что не способствует беспристрастному нахождению максимально обоснованного ответа. Но, похоже, ответ может быть таким – все перечисленные этносы могут в своей части происходить от алан. Материал, приведенный в ответе на данный вопрос позволяет утвердить в качестве рабочей гипотезы, что треть карачаево-балкарцев произошли от алан гаплогруппы R1a, половина осетин – от алан гаплогруппы G2a, и три четверти ингушей – от алан гаплогруппы J2a. Осталось это подтвердить (или опровергнуть) прямыми исследованиями ископаемых ДНК алан на соответствующих территориях.

Рассмотрим тему по порядку. У всех претендентов на историческое аланство совершенно разная Y-хромосомная структура популяций.

Карачаево-балкарцы на треть носители гаплогруппы R1a, на треть – G2a, и на шестую часть – J2a (более точные расчеты по карачаево-балкарскому Проекту FNDNA из 288 гаплотипов дают 32 % для R1a (92 человека), 31 % для G2a (88 человек), 17 % гаплогруппы J в совокупности (44 человека), но там намного преобладает J2a. Остальные относятся еще к шести минорным гаплогруппам – C, E, I, Q, R1b, T, каждая – менее 10 % от популяции, или вообще единичные гаплотипы. Дерево 37-маркерных гаплотипов, состоящее из трех основных гаплогрупп, показано ниже:

[163] Abu-Amero, K.K., Hellani, A., Gonzalez, A.M., Larruga, J.M., Cabrera, V.M., Underhill, P.A. (2009) Saudi Arabian Y-chromosome diversity and its relationship with nearby regions. BMC Genet. 10, 59.

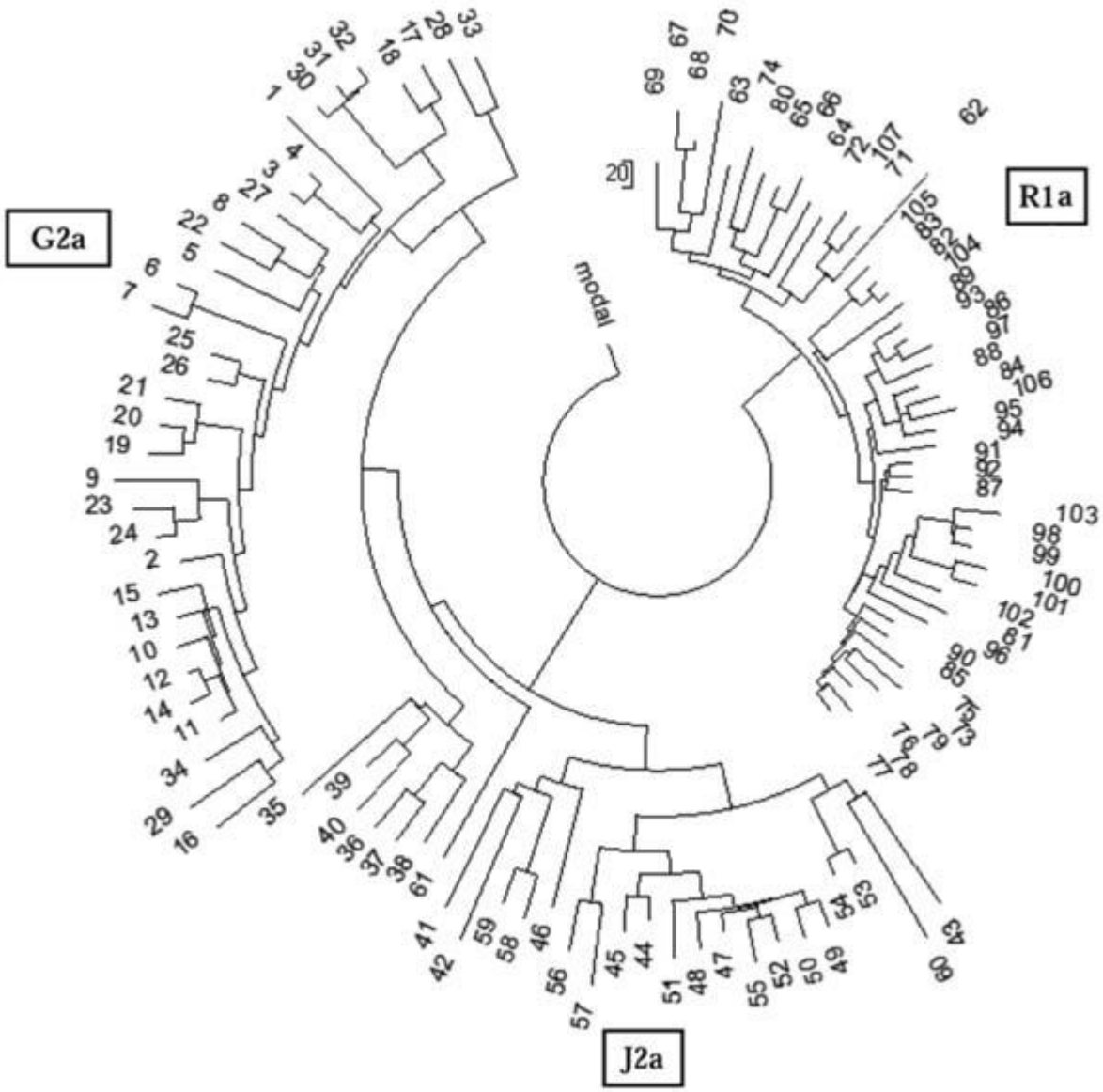


Рис. 42. Дерево из 288 карачаево-балкарских гаплотипов в 37-маркерном формате. Три основные ветви соответствующих гаплогрупп указаны соответствующими индексами. Почти вся ветвь G2a – это субклад G2a1a, ветвь J2a – субклад J2a1b, ветвь R1a преимущественно состоит из носителей снипов Z2122 (небольшая подветвь справа вверху из 10 гаплотипов) и Z2123 (остальная часть ветви из 36 гаплотипов). Самая нижняя часть ветви (гаплотипы 73, 7579, 85, 90) – гаплотипы князей Крымшамхаловых (73 и 77) и родственные.

Датировки основных ветвей:
для гаплогруппы G2a1a 3600±400 лет назад,
для J2a 2270±340
для R1a-Z2122 3580±570
для R1a-Z2123 2950±330
для ветви Крымшамхаловых
и родственных семей 980±210

Эти датировки получены на калькуляторе Килина-Клёсова, и затем округлены до ближайших десяти лет. Датировки легко проверить при счете вручную – например, для ветви G2a1a из 34 гаплотипов насчитывается 375 мутаций от базового гаплотипа ветви

14 22 15 10 15 17 11 12 12 12 10 29 – 17 9 9 11 11 25 16 21 29 13 13
14 14 – 10 10 20 21 15 15 15 18 36 38 11 10

что дает 375/34/0.09 = 123 → 144 условных поколений, или 3600±400 лет назад.

Для гаплогруппы J2a карачаево-балкарцев базовый гаплотип следующий:

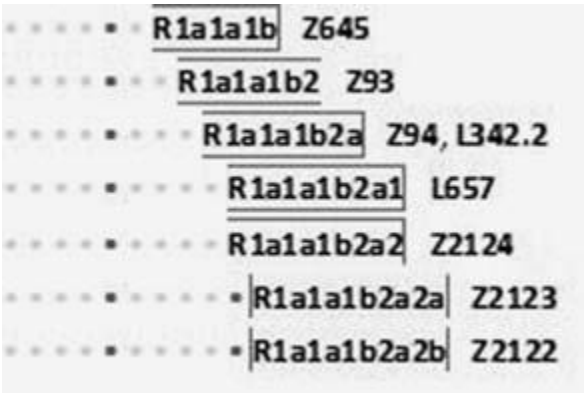
12 23 14 10 12 15 11 15 12 14 11 30 – 19 9 9 11 12 24 15 20 30 12 14
15 16 – 9 8 19 22 15 14 17 15 32 37 11 9

Для субклада R1a-Z2123 карачаево-балкарцев базовый гаплотип:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 12 11 29 – 15 9 10 11 11 25 14 20 32 12 14
15 16 – 11 12 19 24 16 16 18 19 35 38 13 11

Эти базовые гаплотипы пригодятся нам для последующего обсуждения аланской проблемы.

То, что датировки для карачаево-балкарских базовых гаплотипов показывают более древнюю Z2122 по сравнению с Z2123, это не удивительно, они – «параллельные» субклады, и у них в среде карачаево-балкарцев разные источники, хотя и обе идут от Z2124, которая выражена в Передней Азии. Например, большинство пуштунов имеют субклад R1a-Z2124.



У осетин структура мужской популяции принципиально отличается от карачаево-балкарцев. У них более 70 % гаплогруппы G2a, 14 % J2a, 8 % R1b, остальные минорные по количеству, единичные гаплогруппы, которых найдено около десятка.

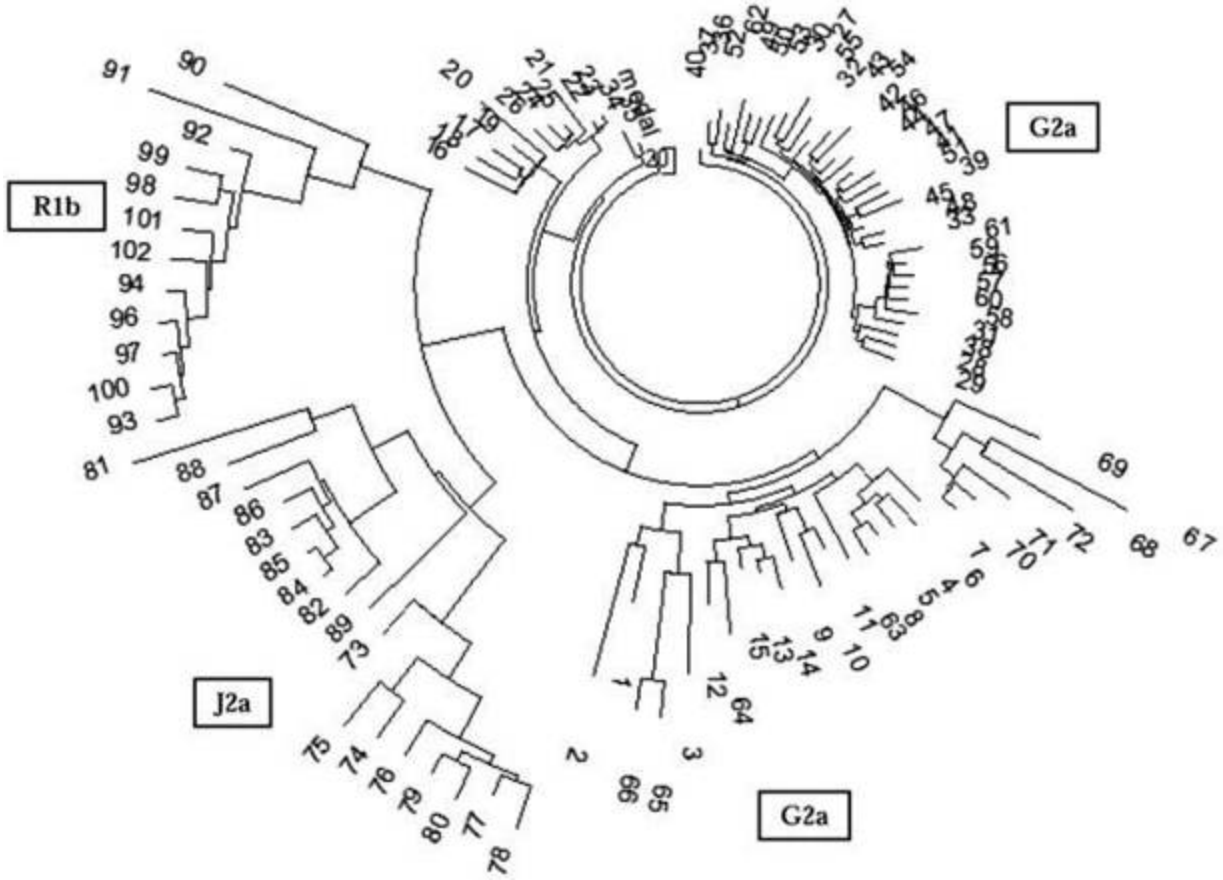


Рис. 43. Дерево из 102 осетинских гаплотипов в 37-маркерном формате. Три основные гаплогруппы осетин расходятся на несколько ветвей с разными датировками и разными общими предками. Вся правая, нижняя и верхняя часть дерева – гаплогруппа G2a, к которой относятся 71 % осетин. Гаплогруппа J2 представлена двумя различными ветвями. Гаплогруппа R1b – одной молодой ветвью, с датировкой 810±170 лет назад, видимо, потомки скифов-сарматов.

Датировки основных ветвей:
для гаплогруппы G2a1a1a1a
(верхняя правая часть) 1150±150 лет назад,
для G2a
(нижняя подветвь, центральная ветвь) 2800±370
для G2a (нижняя подветвь,
боковые ветви) 6200±800
для J2a (верхняя подветвь) 3400±490
для J2a (нижняя подветвь) 2800±430
для R1b-L23 810±170

Эти датировки получены на калькуляторе Килина-Клёсова, и затем округлены до ближайших десяти лет. Опять, датировки легко проверить при счете вручную – например, для верхней ветви G2a1a1a1a из 36 гаплотипов насчитывается 140 мутаций от базового гаплотипа ветви

14 **23** 15 **9** 15 17 11 12 **11 11** 10 28–17 9 9 **12** 11 25 16 21 **28** 13 13
14 14 – **11 11 19** 21 15 15 **16** 18 **37** 38 **12 9**

что дает 140/36/0.09 = 43 → 46 условных поколений, или 1150±150 лет назад. У карачаево-балкарцев, напомним, датировка основной ветви гаплогруппы G2a была 3600±400

лет назад. К тому же базовые гаплотипы карачаево-балкарцев и осетин различаются на 13 мутаций. Это – много для 37-маркерных гаплотипов, и разводит общих предков ветвей на 13/0.09 = 144 → 168 условных поколений, или 4200 лет. Это означает, что общий предок карачаево-балкарских ветвей G2a жил (4200+3600+1150)/2 = 4475 лет назад. Иначе говоря, карачаево-балкарская и осетинская ветви гаплогруппы G2a пришли издалека и раздельно, от одного источника примерно 4475 лет назад. В наших работах показано, что этим источником были переднеазиатские обитатели, предки современных пуштунов и других афганцев.

Но если карачаево-балкарские гаплотипы пришли на Кавказ, видимо, в глубокой древности, около 3600 лет назад, то осетинские вполне могли быть принесены аланами, судя по датировке (примерно 1150 лет назад, IX век нашей эры) и по другим соображениям, которые приведены ниже.

На осетинском дереве гаплотипов есть еще небольшие ветви гаплогруппы G2a, по пять-шесть гаплотипов, весьма четко выраженные, с датировками 620±180 и 1620±350 лет до общих предков, но из-за их малости значимость их для истории осетинского народа пока неясна.

Для гаплогруппы J2a осетин базовые гаплотипы обеих подветвей следующие:

12 25 14 10 13 14 11 15 13 13 11 31 – 19 8 10 11 11 26 16 19 29 13 15
16 16 – 11 12 19 22 15 15 16 16 33 36 10 7

12 23 14 10 13 16 11 16 11 14 11 30 – 17 9 9 11 11 25 15 20 32 12 13
16 17 – 10 10 19 22 15 14 17 15 35 37 12 9

Это – совсем другие ветви (и предки), чем у карачаево-балкарских гаплотипов, они отличаются от карачаевских на 33 и 20 мутаций, соответственно, то есть их общие предки жили около 10 тысяч лет назад и 6400 лет назад. Иначе говоря, у осетин гаплогруппа J2 определенно не аланская.

Гаплогруппа R1b представлена у осетин относительно небольшой ветвью из 12 гаплотипов, из них одна сибирская, R1b-M73, одна распространенная европейская, и десять гаплотипов субклада R1b-L23, типично кавказского, который или пришел со скифами-сарматами, или прошел бутылочное горлышко древней популяции эрбинов, со времен примерно 6000 лет назад. Пока не будут определены глубокие снипы, эту дилемму не разрешить.

Наконец, еще претенденты на происхождение от алан – ингуши. Структура популяции у них совсем другая, нежели у карачаево-балкарцев или осетин. Ингуши на 82 % относятся к гаплогруппе J2, при этом базовые гаплотипы их совсем другие, нежели у карачаево-балкарцев или осетин. Более того, ветви гаплогруппы J2 у ингушей молодые, с датировкой 1200–1400 лет назад, то есть согласуются с аланскими временами. Этот вопрос был подробно разобран в книге «Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии»[164].

С тех пор появились новые данные, а именно по ископаемым ДНК аланских захоронений. Недавно опубликовано исследование археолога Г.Е. Афанасьева с коллегами[165], в котором показано, что в аланских могильниках IV в н. э. присутствовала гаплогруппа R1a-Z94 (определенно недотипирована, то есть более глубокие субклады не определены), в могильниках V–VI вв. – гаплогруппа G2a, а в салтово-маяцких могильниках VIII–IX вв н. э. присутствовали гаплогруппы R1a-Z94, G2a, и J2a. Иначе говоря, аланы, во

164 «Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии» (А.А. Клёсов, М., Книжный мир, 2015, стр. 200–220).

165 Афанасьев, Г.Е., Вень, Ш., Тун, С., Ван, Л., Вэй, Л., Добровольская, М.В., Коробов, Д.С., Решетова, И.К., Ли, Х. (2015) Хазарские конфедераты в юасссейне Дона (археологические, антропологические и генетические аспекты). Тезисы конференции, частное сообщение.

всяком случае те, кто оставили эти захоронения, не были однородны по родовым (Y-хромосомным) признакам. Это совершенно меняет направление дискуссии, кто – осетины, карачаево-балкарцы или ингуши – являются потомками алан. Получается, что могли быть все три современных этноса. И действительно, все три этноса предъявляют вполне убедительные доказательства, что это именно они происходят от алан.

Так что в качестве рабочей гипотезы можно утвердить, что треть карачаево-балкарцев произошли от алан гаплогруппы R1a, половина осетин – от алан гаплогруппы G2a, и три четверти ингушей – от алан гаплогруппы J2a. Осталось это подтвердить (или опровергнуть) прямыми исследованиями ископаемых ДНК алан на соответствующих территориях.

Вопрос 103: **Можно ли рассчитывать, что ДНК-генеалогия найдет потерянные колена израилевы – или все десять, или хотя бы некоторые?**

Технически – можно, если 13 линий Y-хромосомных потомков Иакова, сына Исаака и внука Авраама, действительно существовали. Но в идеале должно существовать ряд колен у арабов, поскольку и евреи, и арабы – потомки библейского Авраама, если принять библейский вариант за исходный. Ниже дается краткий обзор проблемы, и предлагается методология решения вопроса в рамках ДНК-методологии.

На самом деле у Иакова было 12 сыновей (Рувим, Симеон, Левий, Иуда, Дан, Неффалим, Гад, Асир, Иссахар, Завулон, Иосиф и Вениамин, имена даны в варианте русского синодального перевода), но после смерти Иосифа два его сына, Ефрем и Манассия, были усыновлены Иаковом и уравнены в правах с остальными сыновьями, итого должно было быть 13 колен израилевых. Однако правнуки Левия, Моисей и Аарон, в колена не входили, поскольку получили – по Библии – задание от Всевышнего вывести всех сынов израилевых из Египта по двенадцати ополчениям их. Так и сложилось – 12 колен израилевых, потомки Левия (и Аарона) в число колен не входят.



Рис. 44. Адаптированная версия библейской легенды

В восьмом и шестом веках до нашей эры как Северное (Израэлитов), так и Южное (Иудейское) царства были разорены, жители угнаны в Ассирию и Вавилонию. Только два колена израилевых из двенадцати продолжили существование. Это – колена Иуда и Вениамина. Продолжали существовать и нести священническую службу потомки Левия, но

они к коленам не относились. Остальные десять колен исчезли.

Прошло почти три тысячи лет, но боль трагедии Рассеяния – и Ассирийско-Вавилонского, и другого, в начале нашей эры, после неудачных мятежей против римлян – не утихла. Эта трагедия – неотъемлемая часть психологии и мировоззрения евреев. Поиск пропавших десяти колен имеет особое значение не только в еврейской, но и христианской культуре. Судьба исчезнувших колен и их ожидаемое обнаружение традиционно увязывается с осуществлением библейских пророчеств. Даже краткий перечень народов и этнических групп, в которых столетиями предполагали или предполагают найти потомков десяти колен, включает соседние с Израилем народы, живущие в Сирии, Турции, Йемене и Пакистане, среди персов и их потомков, среди американских индейцев, эскимосов, эвенков, якутов, в Южной Индии и на Цейлоне, среди хазар и других тюркских групп, среди крымских караимов и крымчаков, горских евреев Азербайджана и Дагестана, в Армении и Турции, в Северной, Восточной или Южной Африке, в Полинезии, наконец – не так давно – в Киргизии. Там в октябре 2006 года было объявлено, что начинается проект по изучению киргизских гаплотипов на предмет поиска колен израилевых.

В эти страны по понятным причинам не входит Россия и вообще европейские страны. Потому, что и так известно, что там живут много евреев. В Европе проживают ашкеназы и сефарды, по крайней мере те, кто не переехали в Израиль, США или другие страны. Из почти 14 миллионов евреев мира шесть миллионов живут в США, 90 % из которых ашкеназийского происхождения, и около пяти миллионов в Израиле. Немало потомков 12 колен израилевых живут и в России, хотя раньше было больше. Перечень выше далеко не полный, но общая идея ясна. Проблема в том, что до последнего времени не было никаких других средств и возможностей подтвердить или опровергнуть эти гипотезы о пропавших коленах, кроме как на основе сравнений фольклора, изучения структуры устной и письменной речи, нравов и обычаев, религиозных обрядов. Ни одно из этих свидетельств не может, конечно, считаться окончательным. К тому же там и здесь время от времени разные племена и народности объявляли, что у них точно есть данные о принадлежности к пропавшим коленам израилевым. То объявляется, что киргизский эпос «Манас» происходит от названия пропавшего колена Манассии, то индийское племя Кики-Чин-Мизо объявляет, что их главный герой – согласно легендам – был несправедливо заточен в тюрьму, а это, стало быть, не кто иной как Иосиф, проданный в Египет по другой версии. То чернокожий народ по имени Лемба из Зимбабве объявляет, что они – пропавшее колено израилево. То эфиопские евреи уверяют, что их предки – еврейский царь Соломон и царица Савская, и они, стало быть, имеют полное право на переезд в Израиль как на свою Родину. И переезжают, в количестве 90 тысяч человек.

И вдруг появилась ДНК-генеалогия. Она уже оперирует не легендами, а экспериментальными фактами, составом и строением маркеров ДНК, которые передаются тысячелетиями от отца к сыну почти без изменения. Для каждого человека в настоящем, да и в прошлом – при наличии генетического материала, даже взятого у неандертальцев – ДНК-генеалогия позволяет однозначно определить нуклеотидный рисунок его предков, передаваемый по наследству. А значит, у прямых потомков исчезнувших колен израилевых должны оставаться те самые маркеры, которые были у патриархов тысячелетия назад. Ниже мы покажем, как технически могли бы вестись поиски в рамках ДНК-генеалогии.

Но, к сожалению, популяционные генетики «ищут» их некорректно. Они совершают принципиальную ошибку, пытаясь найти конкретный и однозначный «еврейский гаплотип» в разных странах мира. Этот гаплотип, 14-16-23-10-11-12 в устаревшей классификации, или 12-23-14-10-16-11 в современной (аллели маркеров DYS 393, 390, 19, 391, 388, 392) был идентифицирован десять лет назад именно у коэнов, назван «модальным гаплотипом коэнов», и взят как основной критерий поиска пропавших колен израилевых, и вообще «еврейской наследственности» по мужской линии коэнов. Причем взят именно как записанный выше 6-маркерный гаплотип. О том, что этот гаплотип в немалой степени мутировал, и уже представляет целое облако гаплотипов, исследователи не подумали. Нигде

в специальной литературе даже не встречается понятие о времени полупревращения гаплотипов, которое у «гаплотипа двенадцати колен» примерно равно 2500 лет, а именно (ln 2V0.0074 = 94 → 100 условных поколений, то есть примерно 2500 лет. А от общего предка 12 колен прошло примерно 4000 лет (строго говоря, прошло несколько меньше, именно на два поколения, Исака и Иакова, но не будем воспринимать библейские истории буквально).

И поэтому для поиска пропавших колен Израилевых, да и в любых поисках гаплотипов, зародившихся тысячелетия назад, надо пользоваться не «базовыми», не «модальными», не единичными гаплотипами, а всем множеством, облаком мутированных гаплотипов, принимая во внимание относительную вероятность мутаций в них. И тогда расчеты показывают, что в Европе, США и Израиле живут множество потомков 12 колен израилевых, если, конечно, они исходно были, а не являются просто библейской легендой. Но мы выше уже показали, что евреи и арабы в гаплогруппах J1, J2 и R1a происходят от общих предков в данных гаплогруппах, все примерно 4000 лет назад. Так что в отношении общего предка евреев и арабов Библия оказалась права.

Другая принципиальная ошибка, которую делают популяционные генетики – это то, что приписывают «модальный гаплотип» коэнам, хотя потомками Авраама, если принимать библейскую историю, должны в равной степени быть евреи и арабы. Иначе говоря, «гаплотип коэнов» должен быть в равной степени присущ и арабам, что, конечно, звучит довольно забавно.

Эту же ошибку делали и при попытках поиска пропавших колен Израилевых. При этом сплошь и рядом как исключали истинных носителей «базового гаплотипа», который должен относиться к гаплотипу общего предка евреев и арабов, назовем его по традиции Авраамом, так и притягивали к потомкам Иакова представителей арабов, армян, турок, индусов, китайцев, чернокожих йеменитов Лемба, принимая их единичные мутированные «чужие» гаплотипы за этот «модальный гаплотип».

И до сих пор в научной литературе это не осознано. Более того, бездумно повторяются – из обзора в обзор, из статьи в статью – неверные выводы.

Приведем в качестве примеров пару неверных направлений поиска «потомков Авраама», под которыми принимают, конечно, только евреев. Первыми рассмотрим пример с американскими индейцами.

Гипотеза о том, что американские индейцы – потомки потерянных 12 колен израилевых обсуждается, начиная с открытия Америки Колумбом. Имеются сведения, что на корабле Колумба был переводчик с иврита и арамейского языков, чтобы в «Индии» можно было вступить в разговорный контакт с тамошними потомками Авраама, Исаака и Иакова. В середине 17 века в Лондоне была издана книга под названием «Евреи в Америке, или вероятность, что американцы относятся к этой расе». Предполагалось даже, что американские индейцы являются потомками колен Рувима и Левия.

Священное Писание мормонов, под названием «Книга Мормона – Новые свидетельства об Иисусе Христе» упоминает Америку и американских индейцев в главе 13 Первой Книги Нефия под заголовком «История Америки предвещается», стих 12: «И, *посмотрев, я увидел человека среди иноверцев, отделенного большими водами от поколения братьев моих и увидел, что Дух Божий сошел и воздействовал на человека сего и, перейдя большие воды, он пришел в землю обетованную, к потомкам братьев моих».* И далее, стих 13: «И *было, что я увидел, как Дух Божий воздействовал на других иноверцев, и они, выйдя из неволи, также перешли большие воды».* В примечании к главе Книга говорит, что речь идет о Колумбе. А следующее примечание поясняет, что это – об американских индейцах, стих 14: «И *было так, что я увидел великое множество иноверцев в земле обетованной, и гнев божий на потомстве братьев моих, и увидел, как они были рассеяны и поражены иноверцами* ».

Казалось бы – при чем здесь американские индейцы, когда «отделенная большими водами» может быть и Австралия, и Полинезия, не говоря, скажем, об Италии за Средиземным морем. А иноверцы могут быть и австралийские аборигены, и кто угодно за соответствующими «большими водами».

Ан нет – во вводном разделе к Книге Мормона, озаглавленном «Некоторые интересные сведения в Книге Мормона» говорится, что глава 13 Первой Книги Нефия – это «История Америки предсказана 2500 лет назад», и что стих 14, целиком воспроизведенный выше – это «Участь Индейцев».

Чтобы понять, откуда появилась Америка вообще и индейцы в частности в интерпретации указанных отрывков, поскольку сама Книга этих слов не приводит, можно обратиться к разделу «Происхождение Книги Мормона», вводном в саму Книгу. И вот что там есть по словам самого Иосифа Смита, который явил миру Книгу Мормона в 1830 году, в описании явления ему вестника по имени Мороний, посланного к Смиту от имени Бога: *«Он* (Мороний –) *мне сказал о сокрытой книге, написанной на золотых листах и содержащей историю прежних жителей того материка (Америки) и источник их происхождения».* Слово «индейцы» посланник Мороний тоже не употребил, как, впрочем, и Иосиф Смит, и остается только гадать, каких «прежних жителей того материка» посланник имел в виду.

Не густо, но по какой-то причине стало гулять мнение, что якобы в Книге мормонов указано, что коренные индейцы являются потомками израильтян, и что они представляют два потерянных колена Израиля. В Книге, как нетрудно убедиться, этого нет, но мнение осталось.

Детальное расмотрение гаплотипов американских индейцев было проведено в статье 2009 года[166] и в книге «Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии» (А.А. Клёсов, М., Книжный мир, 2015), где показано, что гаплотипы индейцев, относящиеся в основном к гаплогруппе Q, никакого отношения к гаплотипам древних евреев не имеют. Анализ 117 гаплотипов американских индейцев гаплогруппы Q1a3a был проведен в работе[167], в которой показано, что они содержат по меньшей мере шесть ДНК-линий, общий предок которых уходит на 16300±3300 лет назад. Никаких 12 колен израилевых там, конечно, нет.

Другой пример «поиска» пропавших колен израилевых относится к «черным евреям» Южной Африки. В нескольких ее регионах, в основном в Зимбабве и ЮАР, живет народность Лемба, языком которых является банту в нескольких его вариантах. Численность Лемба – примерно 50 тысяч человек. Одна из основных легенд Лемба говорит о том, что они пришли на юг Африки из «Сена», и в качестве «Сены» ими описывается Иудея, Йемен, Эфиопия или Египет. Народность Лемба окружающие племена называют «черные евреи», или «евреи Крюгера», по имени президента Трансвааля в конце 19 века, который – по некоторым данным – эту народность обнаружил, хотя о них говорят и голландские источники в начале 18 века. Помимо легенд, согласно которым «Лемба пришли из Сены на лодках», Лемба практикуют обрезание (что, впрочем, и мусульманская традиция), и придерживаются кошерных принципов еды.

Гаплотипы 136 Лемба были опубликованы. Сами авторы иследования[168] занимались своими вопросами – взаимотношением Лемба и окружающих их Банту, биаллельным полиморфизмом, инсертами и однонуклеотидными замещениями. Тем не менее они отметили сходство ряда гаплотипов Лемба с «гаплотипами коэнов», и сделали вывод о многообразии гаплотипов Лемба.

Сосредоточимся на одном – «гаплотипе двенадцати колен» и их мутациями. То, что

---

166 Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

167 Там же

168 Thomas, M.G., Parfitt, T., Weiss, D.A., Skorecki, K., Wilson, J.F., le Roux, M., Bradman, N., Goldstein, D.B. (2000) Y Chromosomes traveling South: the Cohen Modal Haplotype and the origin of the Lemba – the «Black Jews of Southern Africa.» Am. J. Hum. Genet. 66, 674–686.

исследователи специально не рассматривали. Хотя журналисты тут же подхватили эту версию и объявили, что Лемба – потомки пропавших двенадцати колен, и все имеют «гаплотип коэнов».

На самом деле из 136 гаплотипов Лемба точное попадание в «базовый гаплотип Авраама»

14-16-23-10-11-12

показали 12 человек, то есть около 9 %. Они входят в ветвь из 15 гаплотипов на дереве гаплотипов Лемба справа внизу.

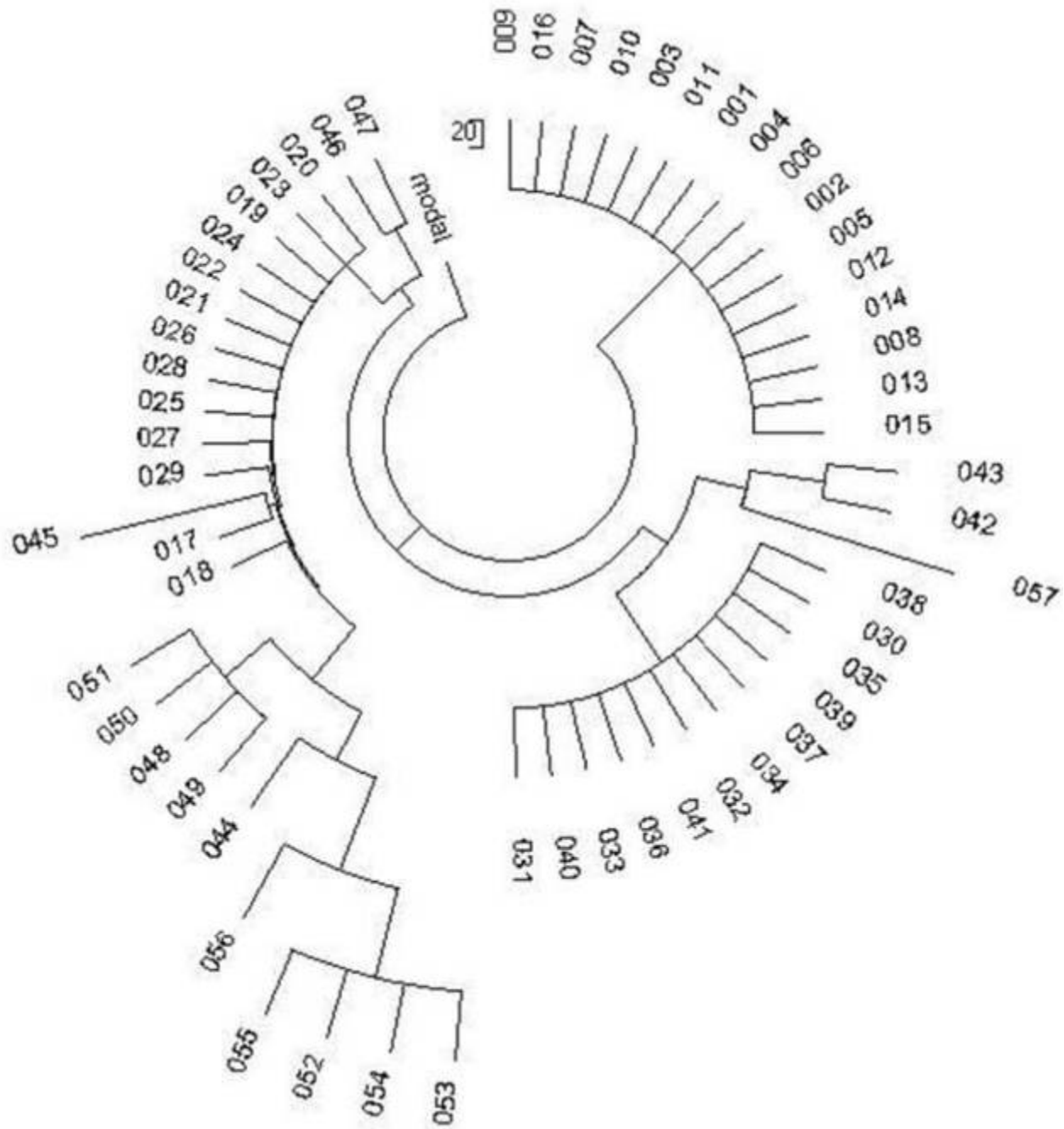


Рис. 45. Дерево 6-маркерных гаплотипов из племени Лемба, всего в выборке 57 человек. «Модальный гаплотип коэнов» имеет ветвь из 12 гаплотипов справа внизу, и три гаплотипа в той же ветви имеютмутации.

Ясно, что это совсем молодая ветвь, потому что 12 из 15 гаплотипов – базовые. Их

общий предок жил [ln(15/12)]/0.0074 = 30 → 31 условных поколений назад, то есть примерно 775 лет назад, примерно в 13-м веке. А показанный выше гаплотип совпадает с серией гаплотипов из Йемена. Иначе говоря, это скорее всего арабские гаплотипы, и попали в племя Лемба тем же путем, «на лодках из Сены», то есть из Йемена.

В общем и целом, вот так «решают загадки» популяционные генетики. Сугубо поверхностное рассмотрение, скоропалительные выводы, никаких обоснований. «По понятиям», а не по науке.

Здесь можно упомянуть и о тысячелетней легенде, согласно которой пуштуны Афганистана произошли от одного из потерянных колен израилевых, ушедших на восток. Как было подробно описано в недавней книге «Евреи и пуштуны Афганистана. Пропавшие колена израилевы: история, политика, ДНК-генеалогия» (А.А. Клёсов и Х.С. Саидов, М., Концептуал, 2015), целый ряд популяционных генетиков последнего десятилетия брались доказать, что легенда достоверна, но после получения соответствующих грантов бесследно исчезали, без публикования каких-либо материалов. А загадка оказалась проста – гаплотипы пуштунов не имеют никакого отношения к гаплотипам евреев. Более половины пуштунов имеют субклад R1a-Z2124, это младший арийский, или скифский субклад. Остальные гаплотипы разбросаны по разным субкладам, но гаплотипов-субкладов евреев у них нет. Анализу гаплотипов посвящена значительная часть названной выше книги.

Теперь вернемся к поставленному выше вопросу – как можно искать потерянные колена израилевы в рамках ДНК-генеалогии? Решение вопроса здесь довольно очевидно – со времени библейского Авраама прошло примерно 4000 лет, и потомки Иакова и Измаила определенно должны были разойтись на ряд ветвей. Библейская история повествует о 12 коленах израилевых и 12 коленах потомков Измаила, сына Авраама (от служанки – египтянки Агарь). Библия сообщает – «Сии суть сыны Измаиловы… Это двенадцать князей племён их». Это – арабская линия. Одним из их потомков, согласно толкованиям Корана, через 30 поколений, был пророк Мухаммад, основатель ислама. Понятно, что «круглые» числа по 12 колен могли быть мифическими, но выбора у нас на этом этапе все равно нет. Поэтому примем за гипотезу, которую можно доказать или подвергнуть сомнениям.

В ответе на Вопрос 98 было приведено дерево из 739 гаплотипов в 111-маркерном формате, в котором все ветви на правой стороне молодые, а левая ветвь имеет общего предка, который жил примерно 4000 лет назад. Важно то, что эта ветвь из 248 гаплотипов состоит почти полностью из гаплотипов евреев и арабов. Иначе говоря, это их предок жил примерно 4000 лет назад. Видно, что эта обширная ветвь состоит из многих подветвей. Это, если несколько идеализировать, или упрощать сложную картину, и есть «колена», то есть ветви потомков библейского Авраама, как арабские, так и еврейские. Если развернуть эту левую ветвь, получим следующую картину:

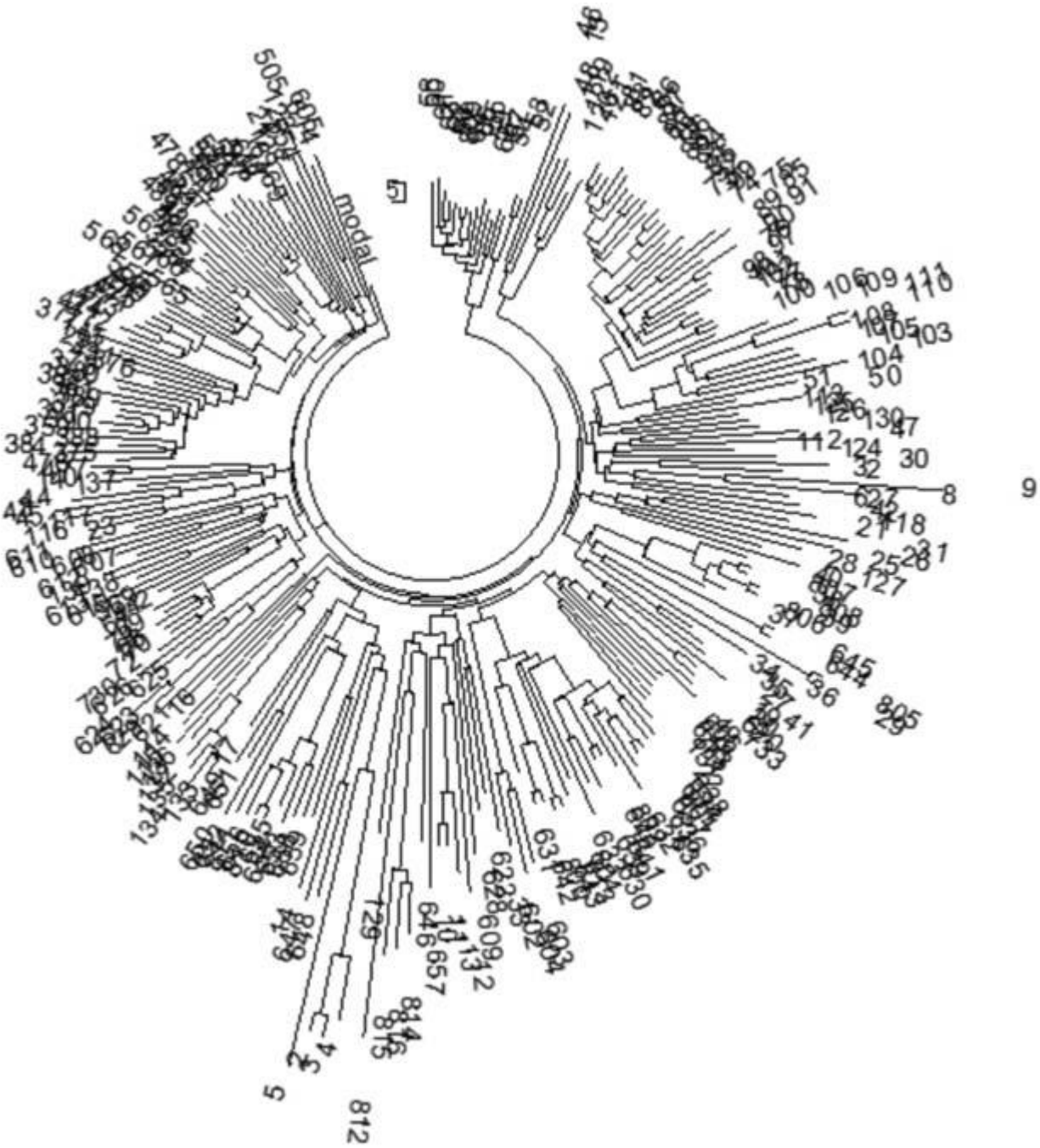


Рис. 46. Дерево из 248 гаплотипов (в 111-маркерном формате) евреев и арабов гаплогруппы J1. Общий предок всего дерева жил примерно 4000 лет назад (расчеты см. в ответе на Вопрос 98). На дереве можно выделить примерно 25 подветвей. Арабские гаплотипы под номерами 2–5 внизу дерева имеют общего предка 3720±520 лет назад.

Базовый гаплотип всего дерева следующий:

12 23 14 10 13 18 11 **16** 11 13 **11** 30–18 8 9 11 11 25 14 20 25 12
14 16 17–11 10 22 22 15 14 18 18 32 36 12 10–11 8 15 16 8 11 10
8 11 9 12 21 22 18 10 12 12 16 8 12 25 21 14 12 11 14 12 12 12 11 –
34 15 8 15 12 25 27 20 13 12 12 11 12 9 11 11 10 11 11 29 11 13 22 15
11 10 20 15 20 10 23 15 11 15 24 12 21 18 9 15 17 9 11 11

и общий предок его жил примерно 4000 лет назад, что показывают расчеты по 111– и 67– маркерным гаплотипам, соответственно – 3849±388 и 4019±407 лет назад (без

округлений). Более детальные расчеты приведены в ответе на Вопрос 98. Заметим, что общий предок имел тот самый «гаплотип Авраама», который обсуждался выше (выделено жирным шрифтом в первой панели в 111-маркерном гаплотипе). Но это – предковый гаплотип, а в настоящее время, как отмечалось выше, многие маркеры уже мутировали. Действительно, среди этих 248 гаплотипов только 98 сохранили 6-маркерный «гаплотип Авраама», что дает [ln(248/98)]/0.0074 = 125 → 145 условных поколений, или 3625±515 лет до общего предка всех 248 гаплотипов в выборке.

Если перейти к 12-маркерным гаплотипам, то их останется в выборке только 14, для 37-маркерных гаплотипов – уже ни одного, и при формальном расчете – из 248 гаплотипов останется примерно 0.004 гаплотипа, что, конечно, смысла не имеет. Для 111-маркерных гаплотипов все они будут мутированы, причем не просто мутированы, а каждый гаплотип будет содержать в среднем по 27 мутаций. Это легко проверить: по 27 мутаций на гаплотип – это 27x248 = 6696 мутаций на все 248 гаплотипов. Это дает 6696/248/0.198 = 136 → 158 условных поколений, то есть 3950 лет до общего предка.

Поэтому все гаплотипы в дереве расходятся на ветви, каждая ветвь объединяет наиболее родственные гаплотипы, в идеальном случае ветви представляют те самые «колена», как евреев, так и арабов, с общим предком, который жил примерно 4000 лет назад. Естественно, чем больше выборка, тем точнее определяются ветви, их состав и датировка. Если подход верный – а он в идеальном случае обязан быть верным, то ветви будут состоять, как правило, или из гаплотипов евреев, или из гаплотипов арабов, причем ветвей должно быть примерно поровну, поскольку от «Авраама» еврейские и арабские линии должны иметь практически одинаковую продолжительность. Но в реальном мире, если учесть, что многие евреи погибли в изгнании, то и ветви могут быть разные по количеству гаплотипов, и самих ветвей будет, скорее всего, разные количества у евреев и арабов.

Для дерева из 248 111-маркерных гаплотипов, приведенном выше, насчитывается примерно 25 ветвей. Кое-кто поторопится и скажет – смотрите, как раз примерно по 12–13 колен у евреев и арабов, как и должно быть. Возможно, но отнюдь не обязательно. Но в любом случае, это может быть чрезвычайно интересным проектом.

Вопрос 104: **Кто же все-таки баски – древнейший народ Европы, или относительно недавний, как и большинство современных европейцев?**

Относительно недавний, предки басков гаплогруппы R1b, которой у басков 85–90 %, прибыли на Пиренеи примерно 4800 лет назад.

Баски, проживающие на севере Испании и юге Франции, постоянно привлекают внимание исследователей. Основная причина – их неиндоевропейский язык-изолят, называемый эускерой, или эускарой. Традиционно считают, что баски – древнейшие (или одни из древнейших) люди Европы, что это их предки рисовали выразительные по теме и художественности картины на стенах пещер в Испании и на юге Франции[169], и что это они во время ледникового периода выживали во франко-кантабрийском убежище. Более того, традиционно считают, что это они после завершения ледникового периода расселились по Европе.

169 «Lascaux2» участника Cro-Magnon peoples – http://www.mageist.net/Images/lascaux_horse.jpg. Под лицензией Общественное достояние с сайта Викисклада – https://commons.wikimedia.org/ wiki/File: Lascaux2.jpg#/media/File: Lascaux2.jpg

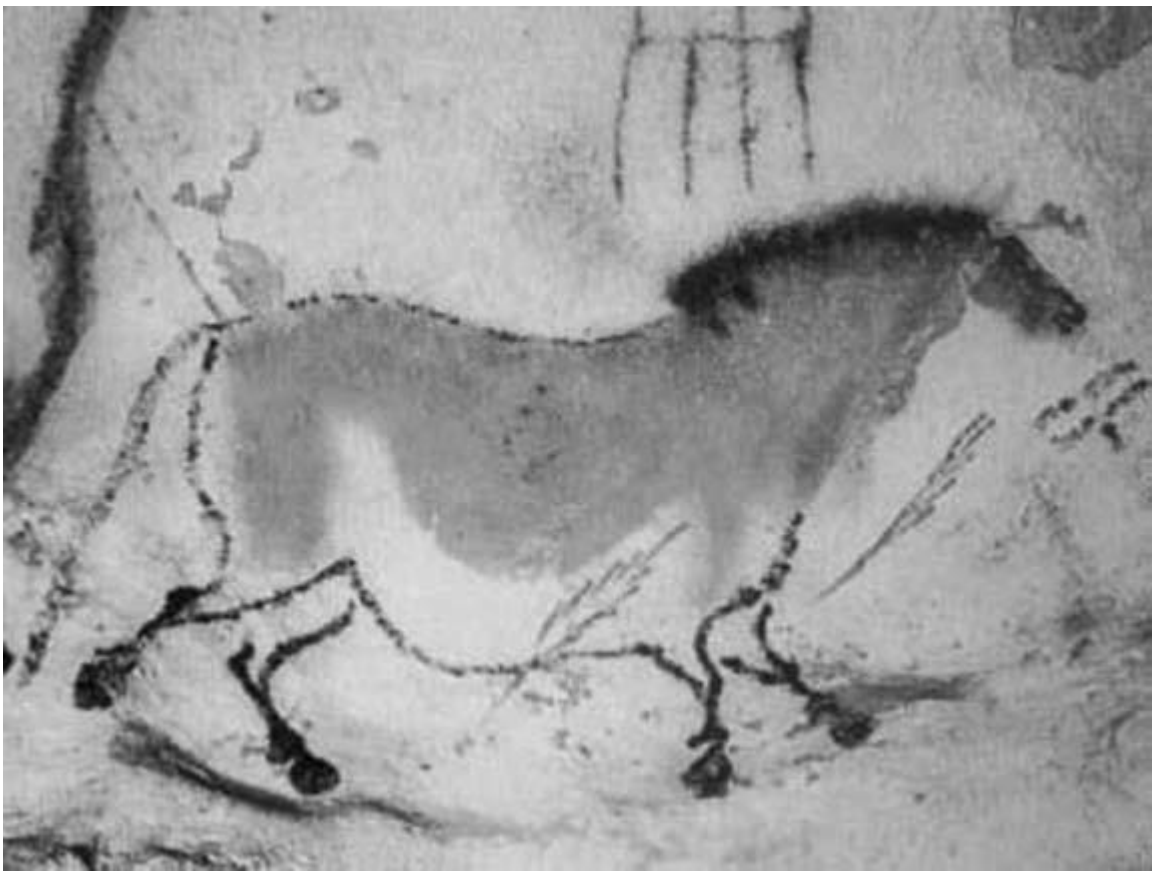


Рис. 47. Лошадь в пещере Ласко на юге Франции, во франко-кантабрийском регионе. Датировка (предположительная) 17–20 тысяч лет назад. В пещере – около двух тысяч изображений.

Все это возможно, только к теперешним баскам это не имеет отношения. Те, кто описаны выше – не их предки, как убедительно свидетельствует ДНК-генеалогия. Современные баски на 85–90 % имеют гаплогруппу R1b, носители которой прибыли на Пиренеи и далее в континентальную Европу примерно 4800 лет назад, в начале III тыс до н. э. Остальные 10–15 % – представители десятка гаплогрупп, из которых R1a имеет обычную для Европы датировку 4300±1200 лет (большая погрешность – потому что гаплотипов мало, к тому же только в 12-маркерном формате), и E1b, G, I2a, J2 имеют древние датировки, от 7700 (J2) до 7900 (I2a), и 8400–8800 лет (G и E1b). Они могут относиться к потомкам добаскского населения. Но их – единицы процентов среди басков.

Ниже – дерево гаплотипов басков гаплогруппы R1b в 17-маркерном формате.

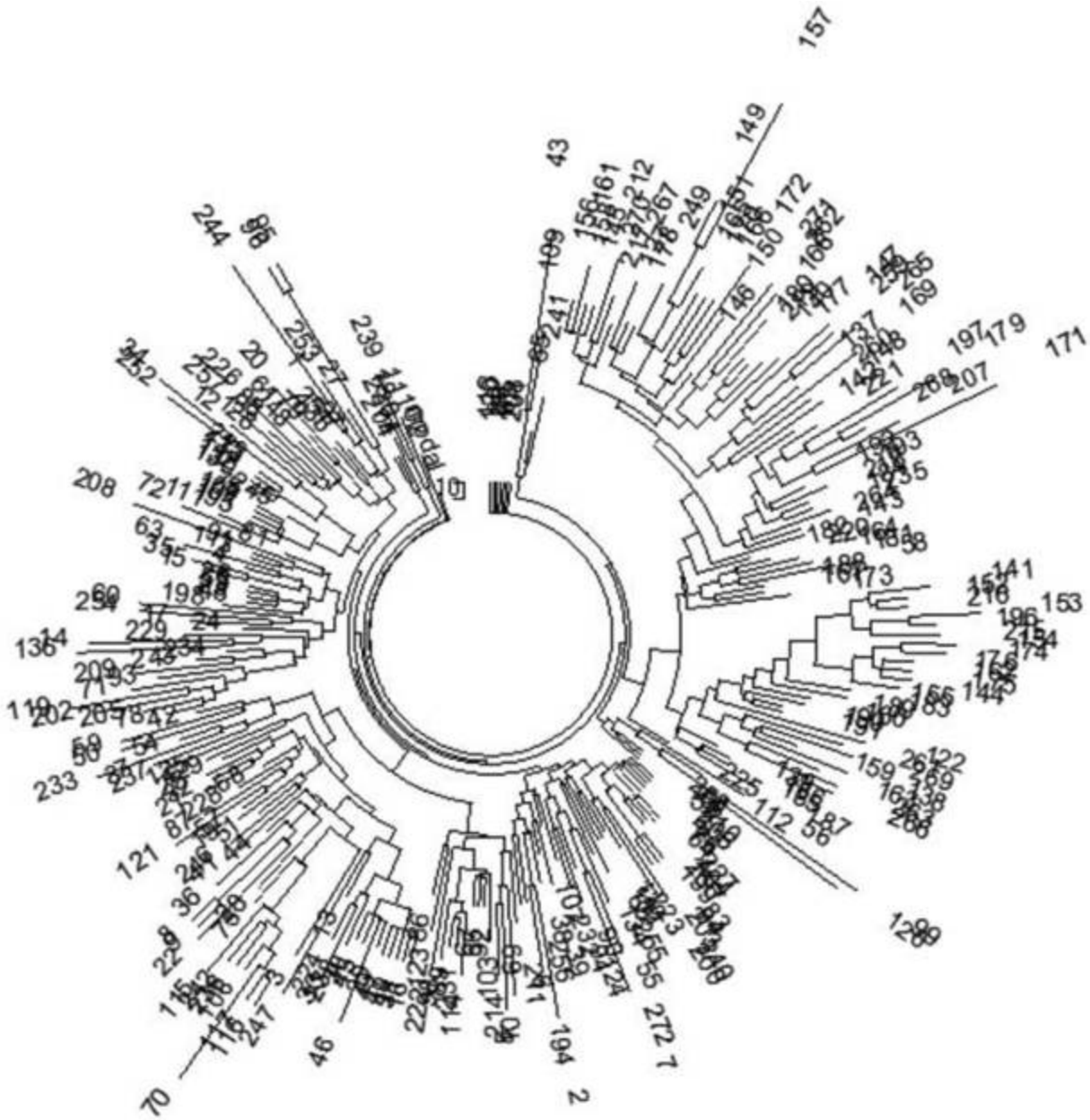
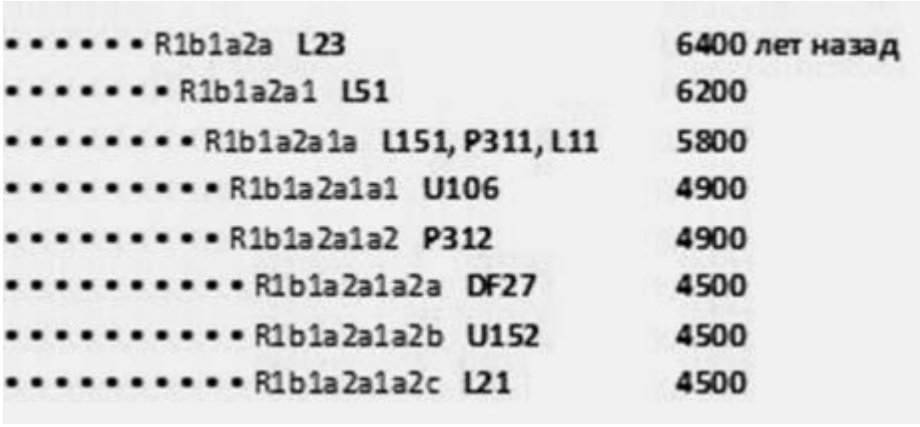


Рис. 48. Дерево из 272 гаплотипов басков гаплогруппы R1b.Гаплотипы – в 17-маркерном формате, приведены в статье[170]. Принимая отнесения цитируемой статьи (хотя отнесения субкладов сделаны очень поверхностно), можно заключить, что две подветви справа – это субклад DF27, подветви слева – тоже в основном DF27 с вкраплениями L11* (два гаплотипа), U106 (пять гаплотипов), U152 (семь гаплотипов), L21 (пять гаплотипов), и P312 (42 гаплотипа). Схема расположения гаплотипов показана на диаграмме ниже (последняя колонка – датировки образования субкладов по данным компании YFull).

[170] Valverde, L., Illescas, M.J., Villaescusa, P., Gotor, A.M., Garcia, A., Cardoso, S., Algorta, J., Catarino, S., Rouault, K., Ferec, C., Hardiman, O., Zarrabeitia, M., Jimenez, S., Pinheiro, M.F., Jaretta, B., Olofsson, J., Morling, N., de Pancorbo, M.M. (2015) New clues to the evolutionary history of the main European paternal lineage M269: dissection of the Y-SNP S116 in Atlantic Europe and Iberia. Eur. J. Human Genetics, doi: 10.1038/eihg.2015.114



Мы видим, как и когда предки 85–90 % басков двигались в сторону Атлантики со стороны Месопотамии, где субклад R1b-L23 является доминирующим среди носителей гаплогруппы R1b. В Месопотамию носители L23 прибыли с Кавказа (время миграций 6000–6200 лет назад), а туда носители субклада R1b-L23 прибыли из древнеямной культуры, где в Самарской области нашли их ископаемые ДНК R1b-L23 с археологическими датировками 4700–5300 лет назад. Субклады L51 и L151 образовались или еще на Ближнем Востоке, или в ходе миграции на запад, к Атлантике, возможно, в древнем Египте. Субклад L151 разошелся на P312 и U106 или непосредственно перед переправой на Пиренейский полуостров, или уже в Иберии. Это и были люди культуры колоколовидных кубков (ККК), и первые баски. В ходе передвижения ККК в континентальную Европу субклад P312 примерно 4500 лет назад разошелся на три ветви – D27, U152 и L21. Последних двух среди басков уже не было – или не было вообще, поскольку они образовались уже в Европе, или то, что есть у басков – уже возвратные миграции и относительно недавние переезды. Действительно, на дереве гаплогрупп басков субклад P312 занимает 15 %, а нижестоящие субклады U152 и L21 занимают 2.6 % и 1.8 %, соответственно.

Займемся датировками времени общих предков басков. Ветвь справа вверху имеет базовый гаплотип

13 24 14 11 11 14 12 **14** 13 30 17 14 18 11 **15** 12 23,

датировка 2700±600 лет от общего предка. Ветвь справа внизу имеет базовый гаплотип

14 24 14 11 11 14 **13** 13 13 29 17 14 18 11 16 12 23,

датировка 3500±700 лет. Ветвь слева

13 24 14 11 11 14 12 13 13 29 17 **15 19 12** 16 12 23,

датировка 3300±440 лет.

Все три базовых гаплотипа имеют семь мутаций от базового гаплотипа всего дерева

13 24 14 11 11 14 12 13 13 29 17 14 18 11 16 12 23,

что дает 7/3/0.0365 = 64 → 68 условных поколений, или 1700 лет, к которым следует прибавить среднюю величину от возраста всех трех ветвей, которая равна (2700+3500+3300)/3 = 3167, то есть общий предок всех трех ветвей басков гаплогруппы R1b жил примерно 4867 лет назад, или округленно 4900 лет назад. Это и есть время прихода эрбинов в Иберию.

К сожалению, современные геномные исследования и здесь идут по ложному пути. В

недавней работе[171] при изучении ископаемых остатков из пещеры El Portalon на севере Испании были найдены две гаплогруппы, H2 и J2a2a с археологическими датировками 4849–4628 и 4960–4829 лет назад, соответственно. Если бы авторы работы приняли во внимание данные ДНК-генеалогии, они поняли, что найденные гаплогруппы и их носители вряд ли имеют отношение к сегодняшним баскам – по времени они на рубеже прихода предков современных басков, носителей гаплогруппы R1b, в Иберию (и действительно, до севера Испании этим

предкам еще надо было дойти, если они действительно перебрались через Гибралтар, что на противоположном конце Пиренейского полуострова), что гаплогруппы H у сегодняшних басков не обнаружено, а гаплогруппа I2a хотя и есть, но минимальное количество. Иначе говоря, были обнаружены представители до-баскского населения Иберии, которое далее скорее всего было уничтожено.

Поэтому не удивительно, что в цитируемой статье авторы нашли сходство выявленных геномов с геномами древних «охотников-собирателей» Европы. Но авторы на этом не остановились, а перенесли это сходство и на современных басков, приняв, что найденные носители гаплогрупп H2 и I2a2a являются предками современных басков. Гаплогруппа R1b в статье вообще не упомянута, да и гаплогруппы H2 и I2a2a в статье далее не рассматривались. Все обсуждение шло на уровне геномов, не принимая во внимание современные реальности состава басков. Вот и пришли авторы к выводам о том, что баски пришли в Европу вместе с «фермерами» вместе с распространением сельского хозяйства, и язык пришел с ними же, и вместе с тем они являются потомками местных «охотников-собирателей». Так незнание геномными генетиками ДНК-генеалогии приводит их к фундаментально неверным выводам.

Вопрос 105: **Была ли непрерывность населения Европы со времен каменного века?**

Нет. С начала-середины III тыс до н. э., то есть начиная с 4800–4500 лет назад, и на протяжении последующих полутора тысячелетий Старая Европа погибла.

Старая Европа – это понятие, введенное М. Гимбутас, но она неверно относила разрушение старой Европы к «вторжению индоевропейцев», которые по ее понятиям двигались с востока на запад, и фактически ворвались в Европу своими конными армиями, сея разрушения и смерть. Этого не было, во всяком случае индоевропейцы не имели к этому никакого отношения. Индоевропейцы (хотя такого народа, строго говоря, не существовало, это лингвистическая категория; условно принимается, что индоевропейцы – это люди, говорившие на языках индоевропейской группы) – в III тыс до н. э., как и в последующее тысячелетие – это носители гаплогруппы R1a. Они двигались не в Европу на запад, а из Европы на восток, и это они принесли арийские языки, которые потом назвали индоарийскими и иранскими, и объединили под общим названием «индоевропейские», в Индию, Иран, в Митанни и, вероятно, в Малую Азию, как хетты. Поэтому М. Гим-бутас ошиблась и с направлением продвижения индоевропейцев, и со временем их продвижения, и, как результат, с идентификацией носителей индоевропейских языков.

Те, кого, как можно понять из соображений М. Гимбутас, она приняла за индоевропейцев, были эрбины, носители гаплогруппы R1b. Они вышли из глубин Центральной Азии, со стороны южной Сибири, не менее 15–10 тысяч лет назад, прошли на восток через северный Казахстан до средней Волги, оставив много археологических культур (см. выше ответ на вопрос о том, кто были эрбины), это их обнаружили в ямной культуре с датировками между 4700 и 5300 лет назад (субклад R1b-L23-Z2103), но это были уже поздние эрбины. Более ранние прошли Кавказ на пути в Месопотамию 6500–6300 лет назад,

---

171 Gunther, T., Valdiosera, C., Malmströma, H., Urenac, I, Rodriguez-Varelac,R., Sverrisdottira, O.O., Daskalakia,E.A., Skoglunda, P., Na1dooa, T., Svenssona, E.M., de Castroh, J.M.B., Carbonelli, E., Dunnj, M., Storae, J., Iriartek, E., Arsuagac, J.L., Carreteroc, J.M., Götherströme, A., Jakobssona, M. (2015) Ancient genomes link early farmers from Atapuerca in Spa1n to modern-day Basques. Doi/10.1073/ pnas.1509851112

и, возможно, раньше, это они, вероятно, основали государство шумеров 6000–5500 лет назад, прошли по Египту на запад, в сторону Атлантики, переправились через Гибралтар и вышли на Пиренейский полуостров. Не исключено, что был еще и параллельный им путь, по Средиземному морю на Пиренеи. Прибыли они в Иберию примерно 5000–4800 лет назад, и далее известны как культура колоколовидных кубков, первая датировка которой дается как 4800 лет назад на территории современной Португалии. Но откуда они туда пришли, историкам неизвестно, и на протяжении многих десятилетий, а то и столетий, это было и остается предметом дискуссий.

Примерно 4800–4500 лет назад начинается заселение континентальной Европы эрбинами, они же в те времена культура колоколовидных кубков. Это заселение сопровождалось исчезновением древнего населения Европы. Из Европы практически исчезли гаплогруппы G2a, I2a, I1, E1b-V13, R1a, они или погибли, или бежали на периферию континента – на Британские острова, на север Европы, на Балканы, или на Русскую равнину и в Малую Азию, оттуда – на Кавказ и в Переднюю Азию. Большинство этих гаплогрупп находят в ископаемом виде в древних захоронениях, с датировками 7500–7000 лет назад (Ii, I2a, E1b) или 5000 лет назад (G2a). Носители гаплогруппы R1a, погибшие в результате убийства большой семьи, по заключению археологов – убитые чужаками, найдены в захоронении (Германия) с археологической датировкой 4600 лет назад. Современные потомки этих гаплогрупп имеют общих предков, определенно прошедших бутылочное горлышко популяции, и соответствующие популяции фактически возродились на сотни, или на тысячи лет позже – гаплогруппа E1b-V13 – примерно 3525 лет назад, I1 – 3700 лет назад, I2 – 2300 лет назад, G2a – 4500 лет назад (на Кавказе), R1a-Z280 – 4600–4800 лет назад, R1a-L664 – 4000 лет назад, R1a-Z284 – 4200 лет назад, причем потомки более древних гаплогрупп составляют в Европе буквально доли процента.

Можно было бы думать, что исчезновение перечисленных гаплогрупп в Европе могло быть следствием эпидемии, в том числе принесенной эрбинами, или резкого ухудшения климата, но этому мешают два обстоятельства. Первое – что только эрбины оказались странным образом устойчивы к резкому изменению обстоятельств, будь то мор или климат. Если в отношении эпидемий можно фантазировать о неком иммунитете эрбинов, то как насчет смертельного для остальных ухудшения климата? Второе, еще более наглядное свидетельство – что число женщин в Европе при этом практически не сократилось, а наоборот – быстро пошло в рост. На это указывают данные по ископаемым мтДНК (митохондриальным ДНК). Здесь не проходит ни мор, ни климат.

С тех пор гаплогруппа R1b остается доминирующей в Европе, и сейчас составляет примерно 60 % от всего мужского населения Европы. При этом на Пиренейском полуострове она достигает 85–90 % (в том числе среди басков), то же самое на Британских островах, примерно 60 % во Франции и Бельгии, с дальнейшим снижением доли R1b на запад, и на рубежах Восточной Европы происходит резкий сброс доли R1b до нескольких процентов, и столь же резкое увеличение доли R1a до 50–60 %. Можно размышлять о причинах такого резкого барьера, разделяющего эти две основные по численности гаплогруппы Европы, но случайностей здесь быть не может. Кто-то из них активно противостоял вторжению других, стойко охраняя рубежи своей территории, а кто это был – оставим размышлять читателю. Конкретных данных у нас все равно нет.

Вопрос 106: **Является ли понятие «арии» синонимом понятия «индоевропейцы»?**

Нет. Во-первых, это понятия разных категорий. «Арии» – это род, во всяком случае в терминах ДНК-генеалогии, причем это род гаплогруппы R1a. Индоевропейцы – это жаргон, впрочем, устоявшийся. Индоевропейцы – это люди, говорящие на языках индоевропейской группы. В настоящее время – это основные языки Европы (за исключением языка басков, венгров, финнов и эстонцев, а также тех, кто говорят на тюркских языках, на иврите и других семитских языках). Во-вторых, арии остались в историческом прошлом, на индоевропейских языках разговаривают сейчас. Так что не

то, что синоним, а и пересечения между этими понятиями сейчас нет.

Но это сейчас. Несколько тысячелетий назад, а именно между 5500 и 2300 лет назад (эти границы довольно условные, и отмечают диапазон от времени образования арийского субклада R1a-Z645 до времен правления арийских ахеменидских династий в Древней Персии) именно арии были носителями языков, которые уже в наше время называли попеременно или параллельно арийскими, индоарийскими, иранскими, и индоевропейскими языками. Привлекая упомянутый жаргон, в те времена арии были «индоевропейцами», и они принесли индоевропейские языки в Индию и на Иранское плато. Носители гаплогруппы R1b тогда не были «индоевропейцами», они пронесли неиндоевропейские языки по всей Евразии, от Южной Сибири до средней Волги, далее через Кавказ в Месопотамию, далее по Северной Африке до Иберии, и разнесли их по Европе между 4800 и примерно 2500 лет назад. Из 367 индийских браминов, тестированных на гаплогруппы, ни у одного не оказалось гаплогруппы R1b, и у трех четвертей – гаплогруппа R1a[172].

Таким образом, тысячелетия назад понятие «арии» и «индоевропейцы» были фактически синонимами, но в I тыс до н. э. арии ушли в прошлое, а индоевропейские языки чрезвычайно расширились по всей Европе, и зажили своей жизнью, независимой от ариев.

Вопрос 107: **Являются ли понятия «славяне» и «арии» синонимами?**

Разумеется, нет. Вообще эта абсурдная постановка вопроса была вброшена Балановскими, об этом они говорили с трибуны карачаево-балкарской конференции в ноябре 2014 г. и там же получили мою исчерпывающую отповедь, и это они же повторили в абсурдном и лживом «письме 24-х» уже в январе 2015 года.

Что поделать, они необучаемы.

Славяне не могут быть потомками ариев хотя бы потому, что современные славяне относятся к разным гаплогруппам, в первую очередь R1a, I2a, N1c1, а исторические арии относились в первую очередь (или исключительно) к гаплогруппе R1a. По современным сведениям арийскими археологическими культурами были культура боевых топоров, фатьяновская, срубная, андроновская, синташтинская, и все ископаемые ДНК типы этих культур показали гаплогруппу R1a (в фатьяновской – типичное для R1a трупоположение в могильниках). В высших кастах Индии до 72 % гаплогруппы R1a[173]. Современные таджики гаплогруппы R1a – потомки древних ариев (см. ответ на Вопрос 86). Но все перечисленные группы – не славяне. Это – другая историческая эпоха.

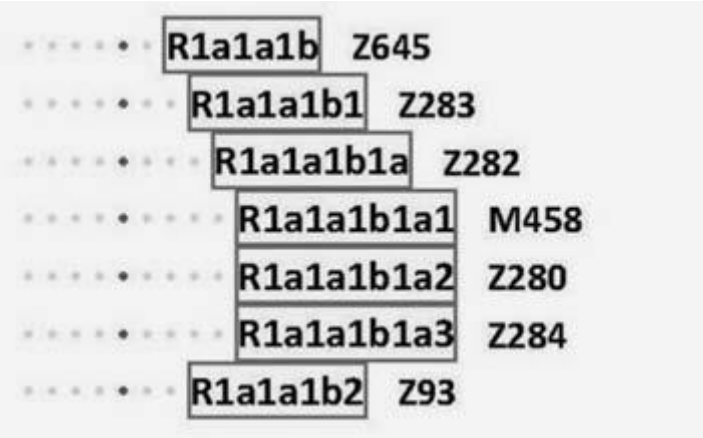
Арии жили в период 6000 – 2500 лет назад, славяне по представлениям историков и лингвистов начали формироваться примерно 2500 лет назад, в середине I тыс до н. э., причем славяне разных гаплогрупп. Как же они могут быть синонимами?

Если речь о славянах гаплогруппы R1a, то они – потомки ариев, если на этот счет дать соответствующие определения. В ДНК-генеалогии определения следующие. Данные лингвистики, археологии и ДНК-генеалогии объединяются при условии, что исходным арийским субкладом является R1a-Z645 на диаграмме ниже.

---

172 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

173 Там же.



Он образовался примерно 5500 лет назад (корридор погрешности между 4800 и 6200 лет, датировка проведена как по снипам компанией YFull, так и по мутациям в гаплотипах), и уже 5000 лет назад разошелся на субклады Z93 и Z283-Z282, которые прошли практически одновременно (коридоры погрешности между 4500 и 5500 лет обоих случаях), и тут же образовался субклад Z280, примерно 4900 лет назад (коридор погрешности между 4400 и 5500 лет), который объединяет большинство этнических русских гаплогруппы R1a. Субклад западных славян R1a-M458 образовался, видимо, чуть позже, примерно 4600 лет назад (корридор погрешности между 3700 и 5500 лет назад), но в пределах погрешности практически в то же время. Практически тогда же, примерно 4500 лет назад, образовался и скандинавский субклад R1a-Z284 (корридор погрешности между 3800 и 5200 лет назад).

Таким образом, ДНК-генеалогия этнических русских гаплогруппы R1a, а также славян гаплогруппы R1a ведет свою линию от арийского субклада R1a-Z645.

Нигде в ДНК-генеалогии не было утверждения, что славяне и арии – синонимы. А то, что они связаны наследственностью – конечно, было. Берем в руки книгу «Происхождение славян» (2013), уже в аннотации и на задней стороне переплета читаем – *«изучение истории древних славян и их происхождение от ариев».* Где там славяне-арии? Включаем режим «поиск», и обнаруживаем, что на всех 510 страницах книги словосочетание «славяне-арии» не встречается ни разу. Да и быть не может – славяне и арии принадлежат разным историческим эпохам. Я еще могу допускать такое выражение в сетевой дискуссии, скорописью, в контексте «древние славяне», или скорее «праславяне», но, повторяю, в книге «Происхождение славян» его нет. Смотрим книгу «Занимательная ДНК-генеалогия» (2013) – тоже ни одного раза «славяне-арии». Открываем книгу «Арийские народы на просторах Евразии (по данным ДНК-генеалогии)» (2015) – опять ни разу.

Вопрос 108: **Если многие скифы имели гаплогруппу R1a, почему они были монголоидны?**

Монголоидные носители гаплогруппы R1a, скорее всего, приобрели соответствующую антропологию от монголоидных женщин Центральной Азии. Об этом свидетельствуют, в частности, ископаемые мтДНК пазырыкской культуры.

Этот вопрос несколько преждевременный, поскольку пока нет археологических и ДНК-данных, согласно которым все три упомянутых факторы были бы определены одновременно – что ископаемый скелет принадлежал именно скифу, что он был монголоидный, и что имел гаплогруппы R1a. Но, тем не менее, к этому идет – целый ряд костных остатков салтово-маяцкой культуры и других культур лесостепной зоны басейна Среднего Дона были идентифицированы как возможные скифские, аланские или хазарские (предварительные данные), часть из них были монголоидны, и часть из них имели гаплогруппу R1a. Так что вопрос, сформулированный выше, вполне ожидаемый.

Но как такое может быть? В качестве варианта на ответ, рассмотрим данные по пазырыкской археологической культуре и современным жителям Алтая с гаплогруппой R1a.

Пазырыкская культура – это археологическая культура железного века (III–V вв. до н. э., хотя некоторые опускают дату до VI века до н. э.), которую относят к «восточному скифскому кругу». Регион – горный Алтай и смежные территории Алтая, Казахстана и Монголии. Основное занятие – кочевое скотоводство. Высказывается предположение, что пазырыкская культура – производная от афанасьевской.

Недавно изучались гаплотипы и гаплогруппы (мужские и женские) современных жителей этого региона[174], и митохондриальные гаплогруппы (женские по сути, поскольку мужчины получают их от матери, но дальше не передают, нет митохондрий в сперматозоидах) ископаемых костных остатков пазырыкской культуры[175]. Оказалось, что большинство мужских гаплогрупп в регионе относятся к гаплогруппе R1a, причем наибольшее их количество было в народности алтай-кижи. R1a содержали также тубалары, челканы, кумандины. На втором месте по численности была гаплогруппа Q, затем C, потом N, остальные – минорные, единичные гаплогруппы, включая R1b, которые, как правило, случайны, и могли попасть туда в любое время.

Однако у носителей гаплогруппы R1a на Алтае была характерная особенность. Если на Русской равнине и в Центральной Европе у них преимущественно митохондриальная гаплогруппа (мтДНК) H, как и у их жен и подруг, так называемая «европейская», или «западная» мтДНК, то на Алтае у R1a, в основном, восточные, «восточно-евразийские», азиатские мтДНК– A, C, D и G, их у носителей гаплогруппы R1a до половины и двух третей, остальные – минорные, единичные. Европеоидных мтДНК у них почти нет. Более половины ископаемых костных остатков пазы-рыкской культуры имели «восточно-евразийские» мтДНК– A, C, D и G.

Носители мтДНК A, C, D и G, как правило – монголоидные женщины и их сыновья и дочери, опять же монголоидные. Вот и разгадка, почему алтайские носители гаплогруппы R1a, потомки ариев-скифов, как правило, сами монголоидны. Антропологию в значительной степени определяют женщины. В этой ситуации есть еще один аспект, который требует рассмотрения – алтайские носители гаплогруппы R1a являются, по всей видимости, потомками древних ариев, прибывших с запада, но говорят не на арийских языках, а на тюркских. Вполне возможно, что у алтайских R1a те же монголоидные женщины сменили язык всей популяции на тюркский.

Вопрос 109: **Правда ли, что предки Наполеона Бонапарта были осетинами?**
Нет. Во всяком случае этот вброс в СМИ ничем не обоснован.

Вброс этот пошел от французского генетика Жерера Люкотта, который объявил, что Наполеон – потомок выходцев с Кавказа. Возможно, перепутали газетчики, которые приняли термин «кавкасоид», что на Западе означает «европеоид», когда переводили на русский язык статью из журнала Le Figaro.

Что же мы знаем на самом деле? То, что гаплогруппа Наполеона E1b1b1b2a1-M34. А также то, что его 37-маркерный гаплотип следующий (YSearch ID SN5G8):

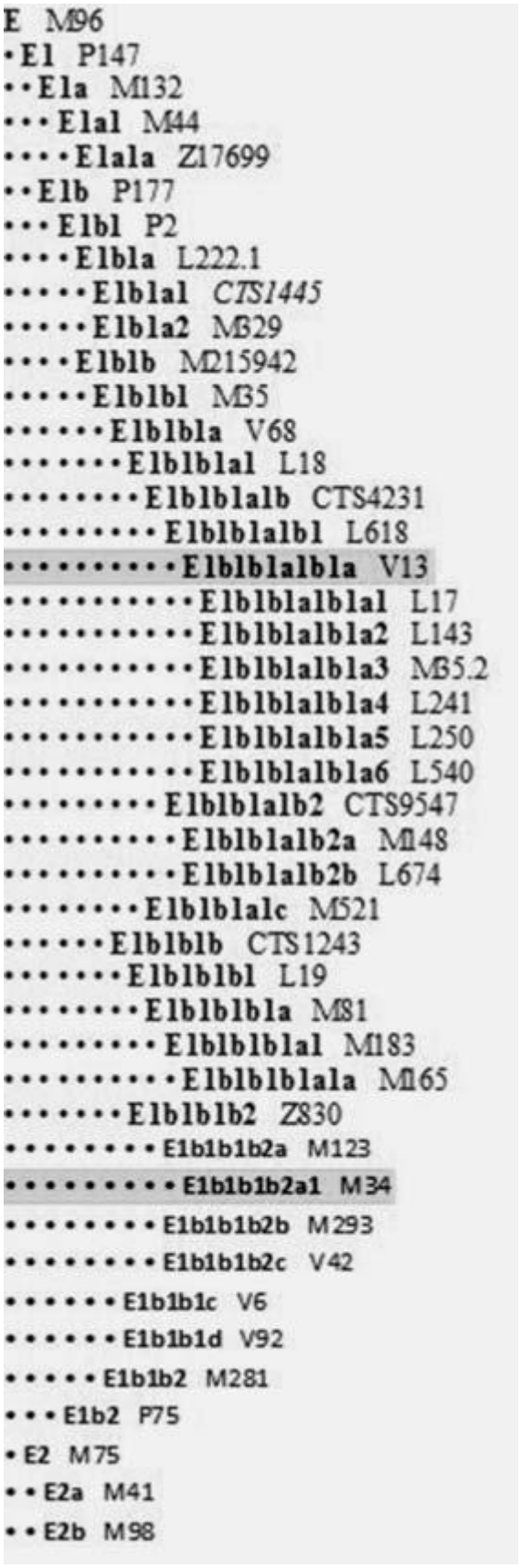
14 24 13 10 16 16 11 12 12 14 11 31–19 9 9 11 7 21 14 20 28 14 15 16
17 – 10 11 19 22 15 12 18 19 35 36 12 10

Сравним с осетинами (https://www.familytreedna.com/public/

174 Dulik, M.C., Zhadanov, S.I., Osipova, L.P. Askapuli, A., Gau, L., Gokcumen, O., Rubinstein, S., Schurr, T.G. (2012) Mitochondrial DNA and Y Chromosome variation provides evidence for a recent common ancestry between Native Americans and Indigenous Alta1ans. Amer. J. Hum. Gen., doi:10.1016/j. ajhg.2011.12.014

175 Mercedes Gonzalez-Ruiz, M., Santos, C., Jordana, X., Simon, M., Lalueza-Fox, C., Gigli, E., Aluja, M.P., Malgosa, A. (2012) Tracing the origin of the East-West population admixture in the Alta1 Region (Central Asia). PLOS ONE, vol. 7 (11), e48904.

Ossetian/default.aspx?section=yresults), у которых из 254 гаплотипов в Проекте всего 4 из гаплогруппы E, причем не E-M34, а все четверо из субклада E-V13. Посмотрим, как соотносятся эти два субклада на дереве субкладов гаплогруппы E:



Мы видим, что у них не только индексация снипа разная, но они принадлежат к разным

группам – Наполеон к E1b1b1b, осетины к E1blbla.После этого на гаплотипы можно и не смотреть, но мы посмотрим. Ниже повторен 37-маркерный гаплотип Наполеона, и далее – обобщенный 37-маркерный гаплотип осетин гаплогруппы E:

14 24 13 10 16 16 11 12 12 14 11 31–19 9 9 11 7 21 14 20 28 14 15 16
17 – 10 11 19 22 15 12 18 19 35 36 12 10

12 24 13 10 16 **18** 11 12 **11** 14 11 31 – **15** 9 9 11 **11 27** 14 20 **32** 14 **16**
16 **18** – **9 12** 19 **21 18** 12 18 **21 30 35 11** 10

Между ними – 40 мутаций, что для двух 37-маркерных гаплотипов разводит их на 40/0.09 = 444 → 760 условных поколений, или примерно на 19 тысяч лет. Ясно, что Наполеон к осетинам никакого отношения не имеет.

Вопрос 110: **Действительно, что В. Жириновский – родственник Наполеону и Эйнштейну?**

Он принадлежит с ними к одной гаплогруппе, как и сотни миллионов других носителей гаплогруппы E. Большинство европейцев, у которых есть гаплогруппа E (в подавляющем количестве субклад E1b-M35), имеют общего предка, который жил примерно 35 тысяч лет назад. К ним относятся Наполеон, Эйнштейн, Гитлер, и, видимо, В. Жириновский.

Для ответа на этот вопрос надо определиться с термином, что такое «родственник». Все люди – в определенной степени родственники друг другу, все относятся к одному биологическому роду и виду. Общий предок всех современных неафриканцев жил 64±6 тысяч лет назад. Так что, действительно, родственники. Но в бытовом смысле «родственники» – это люди, общий предок которых жил десятки или сотни лет назад, и все поколения до него (или после него) в целом известны и документированы, или хотя бы предполагаются – по семейным легендам, например.

Теперь, после данных определений, вернемся к исходному вопросу. Гаплотипа В. Жириновского в базах данных найти не удалось, известно только, что он относится к гаплогруппе E. К той же гаплогруппе относятся и Наполеон, и Эйнштейн. К той же гаплогруппе относятся несколько сотен миллионов мужчин нам планете. Все они – в известном смысле «родственники», общий предок их всех жил 66±3 тысяч лет назад, по данным компании YFull (определение по снипам), то есть в пределах погрешности тогда же, когда и общий предок неафриканцев.

Если немного сузить поиски, то заметим, что Наполеон (E1b1b1b2a1-M34) и Эйнштейн (E1b1b1b2-Z830, см. диаграмму в предыдущем разделе), относятся к очень населенному субкладу E1b1b1-M35, к которому относятся большинство европейцев, и не только они. Общий предок его жил примерно 35 тысяч лет назад. Возможно, это и есть уровень родства В. Жириновского, Наполеона Бонапарта и А. Эйнштейна. У них есть как минимум 200 миллионов родственников на всей планете. Между прочим, А. Гитлер тоже из их числа (он относится к субкладу E1b1b1-M35).

Часть II
Личное, или причем здесь ДНК-генеалогия?

Поначалу я не предполагал давать в этой книге личную историю, в том числе профессиональную, а также сведения о своих родственниках и предках, но эти вопросы были активно затронуты как критиками, так и нейтральными наблюдателями в сети, так что придется внести разъяснения. Нейтральные наблюдатели приходят к недоразумениям, критики напропалую лгут. «Технология» здесь проста – «критики» полагают, что если

дискредитировать автора, то тем самым они дискредитируют новую науку.

1. Коротко о биографии. Мои предки по мужской и женской линии

Начнем с простых и невинных недоразумений. Некая дама по имени Елена Стекина пишет в сети, ссылаясь на мои исследования по ДНК-генеалогии евреев: *«Клёсов – наполовину еврей, врать ему незачем».* Другой пишет в сети – «у *него смуглость, как у еврея».* Должен внести ясность – еврейской «крови» во мне нет. И пишу я об этом не потому, что это что-то предосудительное или неприятное, а сугубо для справки. По мужской, отцовской линии – моя генеалогия из детей боярских[176],[177], архивные данные которых я знаю с 1575–1580 года. В 1639 году мой прямой предок царским указом получил за воинскую службу 300 четвертей (чет) земли (180 гектаров). Вот как повествует об этом Отказная Книга (РГАДА, ф. 1209, оп. 188, дело № 15684, стр. 159) [в сокращении, полный текст приведен ниже]:

Лета 7147 года (1639 год) *апреля в 12 день по государеве Цареве и великом князе Михаиле Федоровиче всея Руси грамоте Ивану Клёсову, сыну боярскому рейтарской службы по челобитью курчен кормовых детей боярских Кирея Клёсова, Фрола Евсюкова да Дениса Пыжова да Мина Вожова да Остаха Шипилова и по наказу стольника и воеводы*

Ивана Васильевича Бутурлина в Курецком стане Курского уезда были отписаны угодья и урочища с устья вверх по Хмелевскому колодезю да от устья ж Хмелевского колодезя вниз по Пруту по правую сторону речке Прута и написано по сыску усадище усть Хмелевского колодезя и дикого поля и дубровы по описи сто чети в поля а в дву по тому ж по государеве цареве и великого князя Михаила Федоровича всея Руси грамоте и по сыску.

176 Клёсов, *А.А.* Интернет (Заметки научного сотрудника), изд. Московского университета, 2010, стр. 417–451.

177 Клёсов, А.А. Дети боярские, или История одного русского рода. http://pereformat.ru/2013/12/ deti-boyarskie/

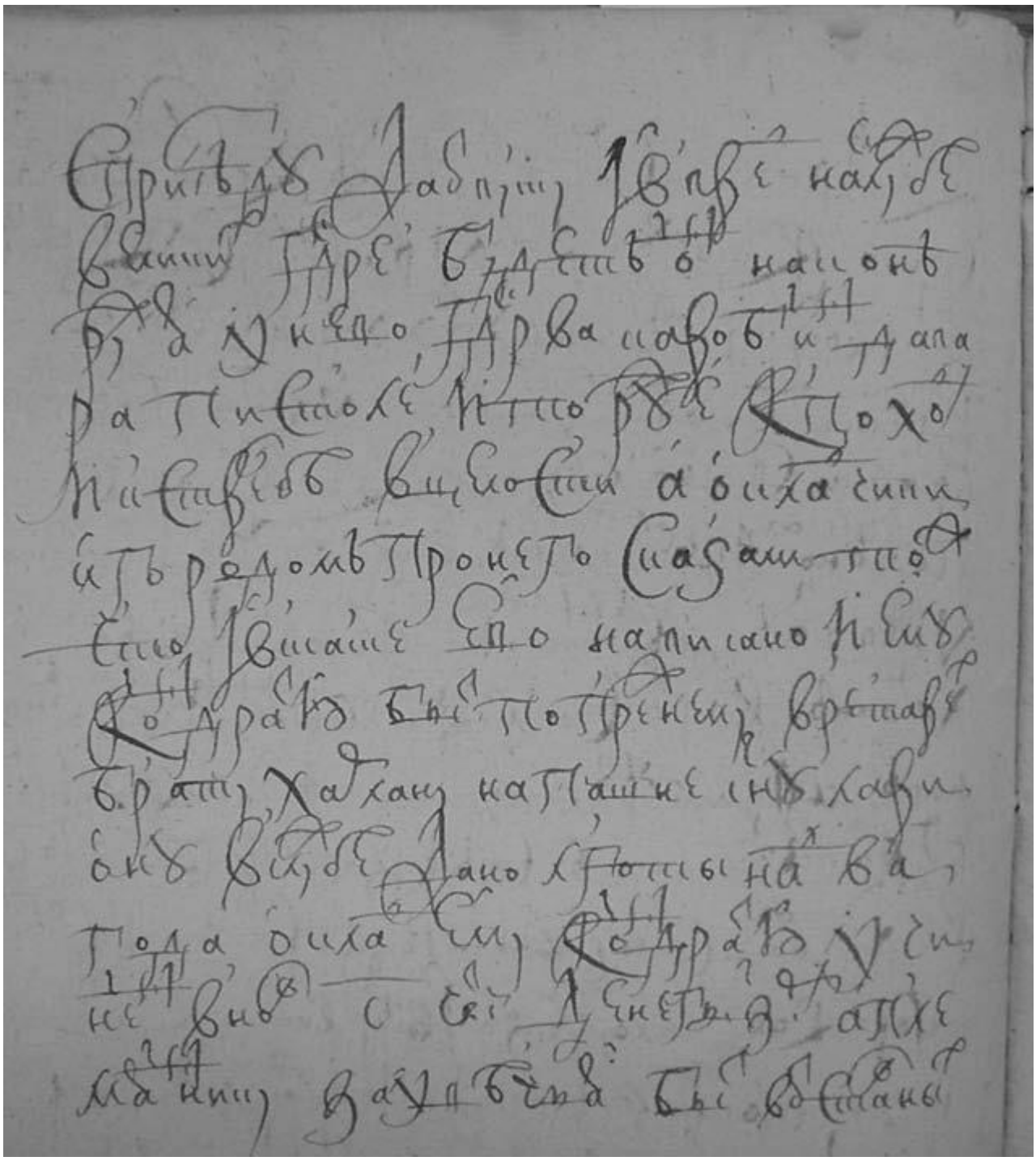
12 апреля 1639 г.

|л. 335| Лѣта ҂ЗРМЗ г апрѣля въ BI *де* по гсдрве | црве и великог кнSя Михаила Θе|доровича всеа Рθсии грамоте за | приписю дьяка Ивана Переносова | и по наказнаи памети стольника | и воеводы Ивана Васильявича Бθ|тθрлина по челобитью кθрченъ кор|мовых детеи боярскихъ Кирѣя Кле|сова Θрола Евсюкова да Дениса | Пыжова да Мины Вожова да | Остаха Шипилова кθрченин снъ бо|ярскои Селиверстъ Бортенев в Кθрскои | θѣздъ в Кθрецкои стан в Семеновскои |л. 335 об.| починок Sвегинцава приѣхов взяв | с собою тθтошних и сторонних людеи | попа и детеи боярскихъ и кресян | сколько члвкъ пригожа да в томъ | Семеновскомъ починке Sвегинцава | пашню измѣрел и смѣтил и переписал | всякоя θгодя и θрочищи с θстья θ|верх по Хмелевскомθ колодеSю да по|мѣснои земи [1] Ивана Клесова да ѡт у|стья ж Хмелевского колодеSя вниз по |Прθтθ по правою сторонθ рѣчьке | Прθта вопче с Мортиномъ Sве|гинцавым и с товарищи а па описи |л.336| и по сыскθ своемъ написал θсади|ще θсть Хмелевског колодеSя к рѣч|ке Прθтθ на θсадищи мѣста дво|ровая прежнева помѣсщика Семе|на Sвегинцова да к томθ оусади|щθ па описи и по мѣре пашне паха|ныя и перелогθ и диког поля и дθ|бровы сто чети в поля а в двθ по то|мθ ж по гсдрве црве и великог кнSя | Михаила Θедоровича всеа Рθ|сии грамоте и по сыскθ а на сыску | были дмитреявскои поп Θедор Каръ|л. 336 об.| повъ снъ да кθрчене дѣ [1] боярския | Тамила Еθимов снъ Ондросовъ Нев|стрθи да Мортин Онъдрѣявы дѣ|ти Жθлины Григореи Ловренте|явъ снъ ДериглоSав Демен Иванов | снъ Θилипскои Ждан Тимоθѣяв | снъ Мθханов Василеи Иванов снъ | Пыжов Кирянъ Семенов снъ Невбытов | Юрья Троθимов снъ Новиков Мики|θор Петров снъ Бысов Тимоθѣ [2] Давы|дов снъ Михаилов Троθим Олекъсѣяв | снъ Бθлгаков и их кресяне Невстрθяв | кресянин Жθлина Степан Θедоровъ |л. 337| Микиθоров кресянин Бысова Са|ва Θилипов недоросля Ермола | Яковлева кресянин Сава Леоновъ | а сыскныя книги писал ѡθонас|явъскои црквнои дьячекъ Лθ|чька Бθлатниковъ

|л. 335| К сем помѣсным сыскным |л. 335 об.| книгам дмитравскаи |л. 336| поп Θедор |л. 336 об.| руку |л. 337| приложожил [1]

|л. 335| К сим ѡбыскным |л. 336| книгам ѡбыщих |л. 337| Селиверстъ | Бортенев рθкθ прижил [2]

Через полсотни с небольшим лет, в «Разборной книге детей боярских по городу Курску и Курскому уезду 1695 года» (ГАКО, ф. 1555, оп. 1, дело № 168, лист 419) сообщается, что сын Сергея Клёсова Кондрат служит по Курску полковую рейтарскую службу из детей боярских, и только что, в 203 году (1695 г.) он вернулся из Казикерменского похода, где служил в полку стольника и воеводы Ильи Михайловича Дмитриева-Мамонова, и что «впредь на службе Великих Государей будет он на коне, ружье у нево государева каробин да пара пистолей и то ружье к походу и стрельбе в целости». Вот этот текст:



В том же 1695 году в «Разборной книге детей боярских по городу Курску и Курскому уезду 1695 года» (ГАКО, ф. 1555, оп. 1, дело № 168, лист 678) впервые упоминается деревня Клёсова. Еще через 15 лет, по ландратской ревизской переписи, деревня Клёсова шла по разделу «Рейтары и однодворцы», в ней было 12 дворов и жили 35 человек (из них семь взрослых мужчин и девять женщин, остальные – дети), у всех фамилия – Клёсовы. Недавно я побывал в этой деревне, встречался с ее жителями (большая часть которых сейчас живет в Курске), и взял у нескольких мужчин ДНК на анализ. Гаплогруппа оказалась такая же, как и у меня – R1a, гаплотипы почти идентичны, всего с несколькими мутациями, которые сходятся к общему предку, который жил в конце 16-го века[178]. Всё сходится.

178 *А.А.* Клёсов. Дети боярские, или История одного русского рода. http://pereformat.ru/2013/12/ deti-boyarskie/

Архивы хранят много сведений о 14 поколений моих прямых предков, все – русский военно-боевой состав, в 17-м веке – все из «дворян и детей боярских» (это – стандартная формулировка тех времен) Курского края. Среди них были дети боярские Иван Клёсов и его сын Кирей, и сын Кирея Сергей, и сын Сергея Кондрат, и братья Кондрата Василий и Максим, и сын Кондрата Афанасий Клёсов. А также братья Кирея Савва и Лука Клёсовы, сын Саввы Остахей (сын боярский, призывы на службу в 1626 г., 1636 г., 1639 г. и 1645 г.), сын Остахея Иван (рейтар, призыв 1675 г.), сын Ивана Михаил (рейтар, призыв 1697 г.), сын Луки Антон (сын боярский, призыв 1639 г. и 1645 г.), сын Кирея Прокофий (рейтар, призыв 1675 г. и 1682 г.), сын Прокофия Иван (рейтар, призыв 1697 г.), брат Ивана Антип (городовой службы, призыв 1697 г.). И, помимо них и вместе с ними Иов Клёсов и сын его Самойла (рейтар, призыв 1697 г.), Дементий Клёсов и сын его Афанасий (сын боярский, призыв 1630 г.), сын Афанасия Павел (рейтар, призыв 1675 г.), сын Павла Потап (копейщик, призыв 1697 г.), Карп Клёсов и сын его Леон (рейтар, призыв 1697 г.), брат Леона Михаил (городовой службы, призыв 1697 г.), еще один Леон Клёсов и сын его Степан (того же призыва 1697 г., рейтар), Тимофей Клёсов и сын его Савва (сын боярский, призыв 1645 г.),

Кирилл Клёсов и сын его Трофим (городовой службы, призыв 1697 г., и Захар Клёсов, пушкарь, призыв 1645 г. Все тридцать два Клёсовых – курские. Курчены, как тогда говорили. А рейтар Кондрат Клёсов, под началом курского воеводы Ильи Михайловича Дмитриева-Мамонова, о чем упоминалось выше, принимал боевое участие в первом азовском походе Петра I в 1695 году, и в конце июля того же года участвовал во взятии турецкой крепости Казикермен в низовье Днепра. В штурме крепости принимали участие также гетман Иван Мазепа во главе казацкого войска, и боярин Б.П. Шереметев со вспомогательным московским конным и пешим войском. Во время почти недельного обстрела крепости был сделан подкоп под стену крепости, стена была сломана, и объединенные войска ворвались в крепость. Рукопашный бой длился пять часов, и в итоге Казикермен капитулировал. Из двух соседних турецких крепостей, Аслам-кермена и Муберек-кермена, гарнизон бежал в Крым, бросив большие пушки. За эту операцию Мазепа был награжден орденом св. Андрея Первозванного.



Рис. 49. Михаил Архипович Куць, Первая мировая война, 1916 г.

Есть сведения, что родственник моего предка, Фрол Клёсов, в 1605 был в перечне награжденных казаков, которые в «Новегородке (Новгород-Северский) сидели в осаде». *«Да сверх росписи по приговору боярина и воеводы князя….да окольничево и воеводы…дано государева, царева и великого князя Бориса Федоровича всеа Руси жалованья Кромским казаком:… Фролку Клесову. Всего девяносто одному человеку, лутчим из них пятидесятником и десятником и раненым трехнадцати человеком по сукну по доброму по четыре аршины сукно, а семидесять осми человеком по сукну по середнему да по два рубля денег человеку* ». Источник: «Акты Московского государства», том 1, стр.76.



Рис. 50. Семья Гончаровых, 1904 год

По материнской в моей генеалогии линия дедушки (отца мамы) Михаила Архиповича Куць (1899 г.р.), на фото (рис. 49) он на первой Мировой войне в 17-летнем возрасте, в 1916-м году, и его отца, моего прадедушки Архипа Даниловича Куць, из казаков, вероисповедание православное, как было указано в паспорте, выданном в 1913 году.



Рис. 51. Николай Гончаров, 1915 год, кадет военного училища

Бабушка (мать моей мамы) – Зинаида Гончарова, справа от центра на фотографии 1904 года (рис. 50).

Рядом с ней – ее брат Николай; на фотографии 1915 года – кадет военного училища

(Рис. 51).

Потом он воевал в Гражданской войне, легко догадаться, на какой стороне. Концов пока найти не удалось, если не считать семейных легенд, что он ушел на корабле из Крыма в 1920-м, и затем его видели во Франции. Дед его и моей бабушки – полковник Евгений Трофимов, служил в русской армии в Тарту в середине 1800-х. Так что какие уж там евреи…

Биография моя подробно описана в книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (2010, изд. Московского Университета), так что не буду повторяться. Если кратко – родился недалеко от Кенигсберга, который в апреле 1945 г. брал мой отец в составе 11-й гвардейской армии 3-го Белорусского фронта под командованием маршала Василевского.

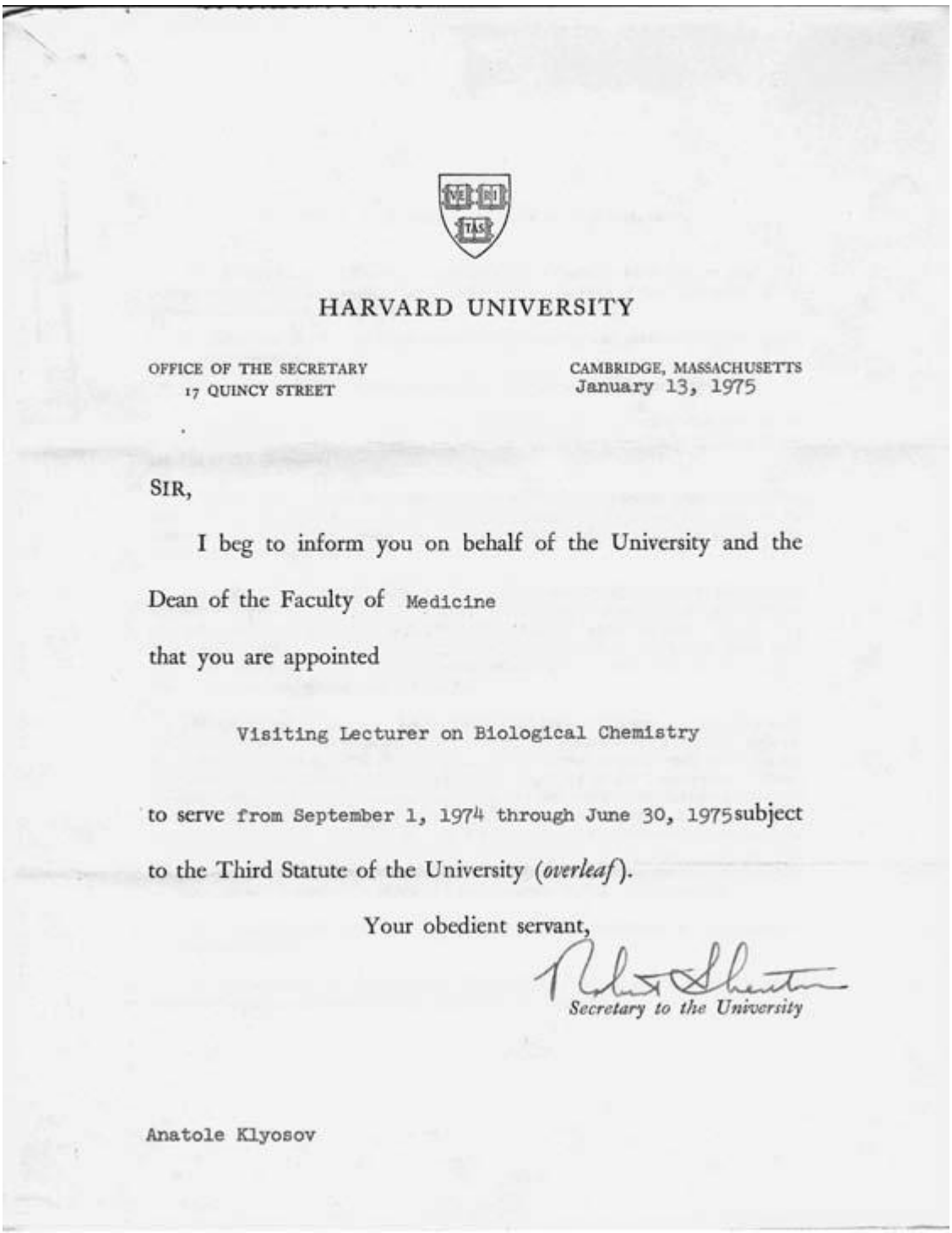


Рис. 52. Кенигсберг, апрель 1945-го.

2. Школа, Московский государственный университет, переезд в США более четверти века назад

Потом я десять лет жил на ракетно-космическом полигоне Капустин Яр, где закончил среднюю школу и работал в фотокинолаборатории в/ч 74322, входившей в знаменитую в/ч 15644, которую знал любой ракетчик от западных до восточных границ

СССР. Поступил в МГУ на химический факультет, который окончил с отличием, через два года защитил кандидатскую диссертацию и еще через два года был направлен в Гарвардский университет США, где проработал около года.



HARVARD UNIVERSITY

OFFICE OF THE SECRETARY
17 QUINCY STREET

CAMBRIDGE, MASSACHUSETTS
January 13, 1975

SIR,

I beg to inform you on behalf of the University and the Dean of the Faculty of Medicine that you are appointed

Visiting Lecturer on Biological Chemistry

to serve from September 1, 1974 through June 30, 1975 subject to the Third Statute of the University (*overleaf*).

Your obedient servant,

Secretary to the University

Anatole Klyosov

Я с тех пор посмеиваюсь, читая «экспертов», что в те времена за Запад посылали только «всесторонне проверенных», и непременно работающих на КГБ. Я, напротив, еще на первом курсе МГУ отказался сотрудничать с КГБ, и о том, как это было, я написал в своей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд. Московского университета, 2010). Рекомендацию для работы в США мне подписал академик Н.Н. Семенов, помогло то, что я первым на курсе (из 300 человек) защитил кандидатскую диссертацию, что был членом сборной команды МГУ (по спортивной гимнастике), что закончил МГУ с отличием, что, будучи студентом, был членом Комитета комсомола химического факультета по учебно-научной работе. Для характеристики это всё, конечно, было хорошо. Вот и вся «проверенность». Что же касается КГБ, это вообще ерунда, хотя никак не могу исключить, что кто-то «работал». Но вряд ли это был кто-то из наших 49 человек в группе, которая провела год в США в 1974–1975 гг. Это опять же описано в книге «Интернет».

После возвращения из США я еще через два года, в 30 лет защитил докторскую диссертацию, в следующем году стал профессором, затем лауреатом премии Ленинского комсомола, перевелся в Институт биохимии Академии наук СССР на должность заведующего лабораторией углеводов, в 1984-м – лауреат Государственной премии СССР по науке, в 1987–1989 гг каждый год работал по нескольку месяцев приглашенным профессором в Гарвардском университете США, и в начале 1990 года был направлен на работу в Гарвард в долгосрочную командировку. Здесь можно упомянуть и то, что с 1982 по 1990 гг я активно работал из Москвы (сначала из ВНИИПАС на ул. Неждановой, потом, с 1987 г., из своей квартиры в Олимпийской деревне) в международных компьютерных сетях, что потом получило название Интернет. Но это все описано в упомянутой книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд. Московского университета, 2010). В 1980-х, вплоть до своего отъезда в США, в течение нескольких лет, будучи зав. Лабораторией в Институте биохимии, вел научно-популярную программу на 4, 2 и 1 каналах Центрального телевидения СССР, под названием «Наука: теория, эксперимент, практика».

Здесь стоит рассказать, что в середине моего пребывания в Гарварде в 1974 году наша лаборатория биофизики Гарвардской медицинской школы получила неслыханный по том временам грант в 23 миллиона долларов для изучения роли цинка в ангиогенезе (то есть кровоснабжении) образования и развития раковой опухоли. То, что цинк крайне важен для образования и роста злокачественной опухоли было открыто в нашей лаборатории совместно с профессором Фолкманом из Детского госпиталя в Бостоне. И вскоре я был приглашен остаться в США и работать по этой тематике. Приглашение было получено в результате специального заседания совета деканов Гарвардской медицинской школы. Я ответил, что остаться я не могу, хотя по этой тематике работать бы очень хотел. Поэтому прошу выдать мне это приглашение в виде официального письма от Гарварда, я его отвезу Послу СССР в США, тогда им был Добрынин, и попробую объяснить ему важность этой тематики. Получил приглашение на работу в США на три года, с семьей, для участия в этом крупном исследовании, и поехал в Вашингтон, в Посольство, имея с собой кипу вырезок из всех основных газет и журналов США на эту тему, с аршинными заголовками о том, что это – самый крупный грант, который когда-либо выдавался в США, и, наверное, в мире.

Посол принял меня благосклонно, сообщил, что приветствует участие советского ученого в такой важной работе, и что направит свою поддержку в Москву, а мне следует в срок вернуться и оформиться заново, уже для этой работы. И добавил, что подобной работы советских ученых в США не было с 1938 года.

Я не знаю, что там была за поддержка, или чем она была нейтрализована, но после возвращения в СССР я никуда не поехал. Более того, я оказался в глухом невыезде на девять дет, до прихода М.С. Горбачева в главный офис страны. До меня неоднократно доносились разговоры, что я считаюсь антисоветчиком и, вероятно, шпионом ЦРУ, потому что меня ЦРУ в США наверняка завербовало. Собственно, для определенных «кругов» это было логично и – с их точки зрения – так оно определенно и было, потому что эти «круги» прекрасно знали, что приезд американского молодого ученого в СССР сопровождался бы соответствующей симметричной обработкой, а значит, это общий принцип как для СССР, так и для США. Видимо, поэтому мои многочисленные попытки оформить документы на выезд в США с семьей никогда не получали ответа на уровне выше иностранного отдела МГУ. До этого уровня я всегда рекомендации получал. Надо сказать, никуда меня не вызывали, никто со мной не беседовал, никакие сотрудники КГБ со мной не встречались и вопросов не задавали. Просто все мои выездные документы падали в некий виртуальный колодец, или черную дыру, не знаю, что там больше подходило.

Но в остальном все было «штатно» и более того – через два года, в возрасте 30 лет, я защитил докторскую диссертацию и стал профессором, и так далее, как рассказано чуть выше. В 1983 году меня выпустили читать лекции на Кубу, в гаванском медикобиологическом центре, потом в Индию, для участия в работе конгресса по биотехнологии, и в 1984 году – в США, на две недели. И потом начались качели, когда на

один выезд в США было три-четыре «заворота» моих документов, хотя, как правило, все оплачивалось принимающей стороной – и полеты, и гостиницы, и все прочее. Я занимался важной тематикой, к которой в мире был большой интерес – это кинетика, механизмы, и биотехнология превращения целлюлозы в полезные продукты, в первую очередь сахара. И занимался активно, публиковал множество статей и книги по этой теме, включая пару книг, которые были опубликованы в ООН, и я стал консультантом ООН по биотехнологии, еще в начале 1980-х годов. Меня это отношение «власть предержащих» в СССР стало постепенно «доставать», поскольку мне часто давали понять, что определенно антисоветчик и что, видимо, для США делаю что-то важное, поэтому они меня так активно и приглашают. Антисоветчиком я никогда не был, это было вне моих интересов, я занимался наукой.

Кульминация наступило в конце 1980-х, когда в ходе «перестройки и гласности» коллектив Института биохимии (на Ленинском проспекте в Москве) избрал меня директором Института, а Президиум Академии наук СССР не утвердил. Это был, наверное, единственный случай, когда выбор Института был проигнорирован. Я могу догадаться, почему не утвердил – я был еще слишком молод и вызывающе независим, «по слухам» антисоветчик, и меня никто из ведущих академиков «не вел», а это для академиков всегда очень важно, важнее, пожалуй, нет ничего. Те же, кто меня «прикрывали» и рекомендовали в отношении роста – Н.Н. Семенов, И.В. Березин, Ю.А. Овчинников, Г.К. Скрябин – уже умерли. Да и доклад мой на Президиуме назывался возмутительно – «Какие направления современной биохимии представляются наиболее важными и интересными». Такие названия – уровень как минимум вице-президента Академии. Так я не стал директором Института биохимии, и понял, что меня в Гарварде ждут с большим желанием и интересом. А здесь, в СССР, все равно ходу не дадут – скрытый антисоветчик, тайный шпион, с амбициями, высовывается, причем вызывающе. А тут как раз поспело очередное приглашение в Гарвардский университет, на два года, с семьей, разумеется. Меня и отправили, с глаз долой, а то коллектив Института возмущаться начал. Тогда этого боялись, перестройка.



Рис. 53. Центральное телевидение СССР, ведущий научной программы, 1987 год.

В 1991 году, когда я уже больше года работал в США, СССР распался, и я остался

продолжать работать профессором биохимии Гарварда и его Медицинской школы (что есть факультет Гарвардского университета). Все это, повторяю, описано в книге «Интернет», как и мои последующие работы в должности вицепрезидента многомиллионной компании в пригороде Бостона в области химической инженерии и создания новых композиционных материалов, и затем старшего вице-президента и главного научного сотрудника биомедицинской компании, по созданию противораковых, противофиброзных и других противовоспалительных лекарственных препаратов.



Рис. 54. о. Сахалин, 1970, три бригадира студенческого отряда Химического факультета МГУ

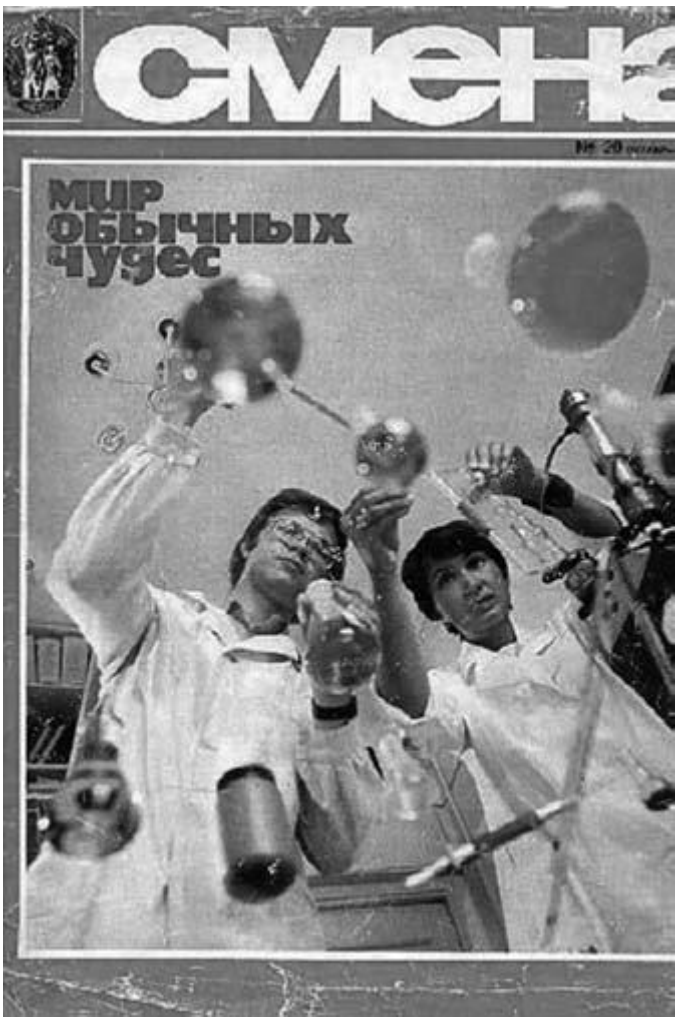


Рис. 55. Химический факультет МГУ, 1980-и год



Рис. 56. Медицинская школа Гарвардского университета, 1993 год



Рис. 57. Компания Galectin Therapeutics, Newton, Massachusetts, 2011 год



Рис. 58. Выступление на бирже NASDAQ, Нью-Йорк



Рис. 59. И это же – в трансляции биржей на Бродвее (это – часть ритуала биржи при выходе компании в биржевые сводки NASDAQ)

3. Работа профессором биохимии в Гарвардском университете

Об этом можно было бы и не писать, но приходится, поскольку моя работа профессором биохимии Гарвардского университета оказалось предметом нападок со стороны тех, кому не пришлась по вкусу ДНК-генеалогия, и которые занялись расследованием деталей моей научной и прочей деятельности. Поскольку никакого «компромата» не нашли – да и как его найти, моя биография вся на виду, то зацепились за профессора Гарварда, этого мои «критики» никак не могли вынести. Лауреата Госпремии по науке вытерпели, там ничего поделать было нельзя, профессора МГУ и далее профессора АН СССР вынесли, члена Всемирной Академии наук и искусств, созданной еще А. Эйнштейном, вынесли, академика Национальной АН Грузии вынесли, а вот профессор Гарварда – это уже было выше их сил, и началось расследование. То ли филолог Касьян, то ли генетик Боринская, то ли погенетики Балановские, то ли археолог Клейн, то ли все вместе организовали официальный запрос (!) в Гарвардский университет, и им ответили, что я с 1989 года до 1998 год действительно работал приглашенным профессором Гарвардского университета. Вот список, который они получили и опубликовали:

Biological Chemistry & Molecular Pharmacology
Visiting Lecturer on Biological Chemistry 9/1/1974 6/30/1975

Biochemical and Biophysical Sciences and Med.
Visiting Professor of Biochemistry in the Department of Center for
Biochemical and Biophysical Sciences and ME
1/1/1989 4/30/1989

Biochemical and Biophysical Sciences and Med.
Visiting Professor of Biochemistry in the Department of Center for

Biochemical and Biophysical Sciences and ME
4/16/1990 6/30/1998

Немного ошиблись, правда, я работал в этом качестве не с 1989, а с 1987 года, но это детали. Что делать было «расследователям»? К ДНК-генеалогии придраться они не могли, а хотелось страстно, позарез нужен был компромат, пусть не научного характера, а хоть какой-то, вот они и решили организовать бурную кампанию, что я был не профессором Гарварда, а приглашенным профессором, как будто это что-то меняет. Показательно обсуждение этого на дискуссионной страничке рускоязычной Википедии, в которой Касьян и прочие «заговорщики» выражали опасение, что «приглашенный профессор Гарварда» звучит даже сильнее, чем просто профессор, и как бы не эффект не получился наоборот, в мою пользу. Но потом решили выйти из положения тем, что написали в Википедии, что я был приглашенный профессор Медицинской школы, а не профессор Гарвардского университета, и потому выдаю себя не за того, что было на самом деле. Главный упор было на то, что «выдает себя не за того», а там кто будет разбираться, не так ли? То ли он шубу украл, то ли у него украли. На самом деле Медицинская школа и есть факультет Гарвардского университета, но расследователи или этого не знали, или им было все равно, поскольку надо было создать компромат.

Придется рассказать о системе с профессорами в России и в США, может, для читателей будет информативно или даже интересно.

Начнем с того, чем различаются в США понятия «колледж», «университет» и «школа», в данном контексте университетская школа. Первые, колледжи, не имеют права присваивать ученые степени, вторые, университеты, имеют, у них есть ученый совет. Например, Гарвардский колледж – а это основное учебное подразделение Гарварда, ученые степени не присваивает, для этого после окончания колледжа надо поступить в Гарвардскую школу, например, Law School, или Business School, или Medical School, и так далее, их около десятка, это на самом деле все факультеты Гарвардского университета, которые присваивают ученые степени. Именно потому забавно, что те, кто портили «мою» страничку в Википедии, записали меня в Гарвардскую медицинскую школу, а Гарвардский университет привели отдельно, и написали, что то, что я был профессором Гарвардского университета – не соответствует действительности. На самом деле, это все равно, что доказывать, что химический факультет МГУ не относится к Московскому университету. Глупость этих «составителей» Википедии границ не имеет.

Перейдем еще к одному глупому недоразумению, тоже отраженному на «моей» страничке в Википедии, и о чем долго ломали копья в дискуссиях в других местах (например, на «Троицком варианте»), в чем с очередной глупостью отметился Л. Клейн (и как он от глупостей не устаёт?). В науке есть ученые степени, звания и должности, и они пересекаются только частично. Можно быть профессором по должности, но быть только кандидатом наук по ученой степени. Можно быть доктором наук, но не быть профессором. Можно быть профессором по должности, но не по званию (которое присваивает ВАК по решению Ученого Совета соответствующего учебного или научного учреждения).

Приведу личный пример. В 1977 году я защитил докторскую диссертацию (доктора химических наук), было мне тогда 30 лет, и я был старшим научным сотрудником химического факультета МГУ. Немедленно после того был приглашен стать по совместительству профессором Московского пищевого института, и был зачислен на должность профессора. На следующий год я стал профессором химического факультета МГУ, то есть профессором МГУ, что одно и то же. Было у меня тогда звание профессора? Не было, я его получил только через пять лет, когда уже был заведующим лабораторией и профессором Академии наук СССР. Только тогда я по решению ВАКа получил звание профессора с выдачей соответствующего диплома. Это звание – пожизненное.

Подобная же ситуация была в Гарвардском университете. Меня пригласили туда занять должность профессора биохимии, и эта должность возобновлялась каждый год с 1987 по

1998 год, на протяжении 12 лет. Было у меня там звание профессора? Не было, как не было и в Пищевом институте, и в МГУ на протяжении ряда лет. Профессор, повторяю, это и должность, и звание, причем звание дается относительно редко, пожизненно, за, так сказать, особые заслуги. То же самое и в Гарварде. Там есть должность профессора, кем я и был (формально она обычно называется «приглашенный профессор»), а аналогом звания является подписание пожизненного контракта на работу в данном учебном заведении в должности профессора. «Титулом» там это никто не называет, нет в университетской жизни США такого понятия. Там университетская пожизненная должность называется tenure, хотя в английском языке tenure имеет еще много значений. Например, «his tenure with the company» означает время, в течение которого некто работал в конкретной компании. Никакого отношения к пожизненным должностям или университетским званиям это не имеет. Во многих университетах США пожизненных профессоров вообще нет, там люди занимают ставку профессора, точно также, как занимал ее я в Гарварде. И никто по этому поводу истерику не поднимает, как ее подняли Клейн, Боринская, Балановские, Касьян.

Так что требования Клейна типа «Я *предложил ему опубликовать документ о присвоении титула профессора», «титул Гарвардского профессора А. Клёсовым мошеннически присвоен», «самый простой способ – опубликовать документ о присвоении титула»* – это все очередные глупости Клейна. И главное – в чем причина такого накала Клейна? Да в том, что надо низвергнуть ДНК-генеалогию, представляете? В том, что он запутался в понятиях о гаплотипах и гаплогруппах, о датировках, показал свою полную безграмотность в этих вопросах, тем более перенеся эту безграмотность на исторические представления, см. ниже выдержки из дискуссий на «Троицком варианте». И чтобы в этом не признаваться, чтобы отвлечь внимание читателей, пошел «свиньей» на мое профессорство в Гарвардском университете. И то, что я об этом здесь пишу – дело вовсе не в профессорстве, а в том, чтобы показать, какими методами пользуются «оппоненты». Почему-то у директора нашего научного центра в Гарварде, профессора Б.Л. Вэлли, такие вопросы не возникали, вот, например, его письмо-рекомендация на мой счет в администрацию Гарвардского университета. Желающие могут посчитать, сколько раз там употребляется слово «профессор».

В моем же случае пожизненного контракта не было, мне, повторяю, продлевали должность профессора Гарвардского университета (и его Медицинской школы) на протяжении 12 лет. Никто не заморачивался с тем, приглашенный это профессор или какой, письма мне шли из Гарварда и других мест с указанием «Профессору», табличка на двери кабинета была «Профессор» с указанием фамилии, на всех выступлениях объявляли как профессора. Ушел я из Гарварда на должность вице-президента компании, где мне предложили вести очень значимый научный и прикладной многомиллионный проект. Это описано в моей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника».



HARVARD MEDICAL SCHOOL — BRIGHAM & WOMEN'S HOSPITAL

CENTER FOR BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL SCIENCES AND MEDICINE

BERT L. VALLEE
Edgar M. Bronfman
Distinguished Senior Professor

Mailing Address:
Seeley G. Mudd Building
250 Longwood Avenue
Boston, Massachusetts 02115
Telephone: (617)-432-1367
Fax: (617)-566-3137

July 7, 1992

Ms. Diana Faust
Harvard International Office
Holyoke Center 858
1350 Massachusetts Avenue
Cambridge, Massachusetts 02138

Dear Ms. Faust:

As you well know, Professor Anatole A. Klyosov has been working in my laboratory for some time on a J-1 visa. Professor Klyosov has become expert in certain physical-chemical features of our efforts which are the subject of our collaboration with the Centro Medico Docente La Trinidad in Caracas, Venezuela. This work depends both on facilities and a population in Caracas. It is of the utmost importance to the ongoing work of both Institutions relating to the use and abuse of alcohol. The work has reached a stage where special analyses are critical to its success and must be done in Caracas. Professor Klyosov is the only member of our staff who can perform this work. Hence, I have asked him to go to Caracas in order to achieve this end, and Professor Klyosov has kindly agreed to do so provided that he has permission from the Department of State to leave and re-enter the country. Special equipment will be in place in Caracas by July 14, the date Professor Klyosov has been asked to go there if at all possible.

I hope you understand that I would not inconvenience Professor Klyosov, you and the Department of State, to undertake this work with so little notice, and I apologize for any inconvenience that this may cause. Clearly, I do so only under the pressure of circumstances beyond my control. I sincerely hope that this request can be granted expeditiously to permit the pending experimentation to be carried out in time.

Many thanks for any help you can extend to us. Please do not hesitate to get in touch with me if I can be of further service.

With kindest regards.

Sincerely yours,

Bert L. Vallee

Но это не имеет здесь никакого значения, поскольку они, Клейн и компания, не понимая систему в Гарварде, и, видимо, систему с профессорами в США вообще, решили, что если у меня нет «титула» профессора, то есть пожизненного контракта с Гарвардом, то профессором я не был. Поэтому они вставили на «мою» страничку, что это «не сооответствует действительности». Я столь подробно об этом пишу, потому что это имеет прямое отношение и к мировоззрению «критиков», и к системе научных должностей и званий. А также к Википедии, которая публикует то, что ей навязывают люди, у которых свои цели.

Оттого и комментарии читателей на «Троицком варианте»:

«Очевидно, что копание в личных делах Клесова произошло в ответ на его ДНК

генеалогию. Без ДНК генеалогии никому и дела не было бы до доходов Клесова. И не должно быть».

На это Клейн отвечает опять ложью:

«Не только я (я вообще от этого далек), но даже В. Лебедев не занимались его доходами, ими занялся американский суд, и Лебедев лишь цитировал судебное коммюнике и опубликовал соответствующие графики проданных акций».

Замечаете кокетливое «я вообще от этого далек»? Напоминает хрестоматийного голубого воришку Альхена. Клейн, оказывается, далек и от обсуждения профессорства, и от того, что тут же запустил очередную ложь. Не занимался никакой американский суд моими доходами, и не было никакого «судебного коммюнике», и «графики проданных акций» были вовсе не мои. Всю это было состряпано Лебедевым, который подтасовал и передернул, и если бы не ложь, которую запустил Лебедев и подхватил Клейн, я бы вообще об этом не имел понятия. И вот представьте себе – В. Лебедев – член Комиссии Президиума РАН «по борьбе с лженаукой», введенный туда за успехи в «разоблачении» В. Петрика, Клейн – автор статей в сборниках той же Комиссии типа «За чистоту науки», и вот этот стиль лжи и поклепов – это, получается, стиль «Комиссии». Хороша «борьба за чистоту науки»! А Клейн в том же сборнике опять в стиле стыдливого воришки пишет – *«подготовил к печати В.П. Лебедев…это не статья, а подборка и нарезка моих дискуссий* ». То есть хочется стыдливо дистанцироваться, типа это не я, это Лебедев, но подпись свою Клейн поставил, свою, а не Лебедева.

Опять, пишу я не для того, чтобы в чем-то оправдаться, а чтобы показать, к каким методам прибегают «борцы за чистоту науки» – откровенная ложь и поклепы. И это вместо того, чтобы выставлять научные аргументы, если им что-то представляется неверным. Но аргументов у них нет, выйти в честной научной баталии они не могут, знаний просто нет. Понимают, что их тут же разнесут с их «аргументами». Но и стыда и совести у них тоже нет, вот в чем проблема. Поэтому у Клейна и иже с ними остается только ложь. Вот её-то активно используют.

4. Работа вице-президентом по исследованиям и разработкам инженерной компании по новым композиционным материалам

Из Гарвардского университета я перешел в только что образованную компанию, которая получила название “Термо Файберджен” (Thermo Fibergen), на должность вице-президента компании по исследованиям и разработкам. Причин к переходу было несколько – наименее приоритетная состояла в том, что меня не устраивала зарплата профессора Гарварда. Вообще в США зарплата любого профессора или любого научного работника или преподавателя – это только хватает на выплату ипотеки за мало-мальски приличный дом (то, что в США называется «моргидж») и на текущую жизнь. Но не больше. Более важная причина была в том, что для комфортабельной работы в Медицинской школе надо быть не просто профессором, а одновременно лечащим врачом, а такой специальности у меня не было. Я был не MD, то есть «доктор медицины», а PhD, то есть «доктор наук», или, в традиционных терминах, «доктор философии». А в Медицинской школе надо быть MD. Но самая важная причина была в том, что масштаб профессора биохимии в Гарварде был для меня мал, для получения денег на научную работу надо было постоянно писать заявки на гранты, и мне не нравилось заниматься «крысиными гонками», когда получив один грант надо было тут же садиться и писать следующую заявку. Мне нужно было свое крупное научное дело, мое собственное научное направление, которое к тому же было бы щедро профинансировано. Поэтому я с удовольствием принял предложение возглавить научную работу в новой компании с бюджетом в 40 миллионов долларов, своей лабораторией и

впоследствии своим заводом, неограниченными поездками по миру, пленарными докладами на всех крупных конференциях по тематике, над которой я работал. Я был среди тех, кто основал завод по производству новых композиционных материалов, первым на нем работал, в одиночку, налаживая процесс, а уж «железо», экструдеры, конвейеры, склады готовой продукции, это потом, разумеется, создавали другие, но по моим принципиальным разработкам. В итоге я как единственный автор написал том в 700 страниц под названием Wood-Plastic Composites[179],[180], который был переведен на несколько языков мира, и до сих пор, восемь лет спустя, продолжает оставаться единственной монографией в мире по этому вопросу. Именно потому я до сих пор активно востребован на судебных процессах, когда потребители судят производителей композиционных материалов, производители судят поставщиков, а я по мере своих знаний разбираюсь, кто прав и кто виноват, и даю соответствующие инструкции юристам, которые занимаются этими процессами. Это – крайне интересная и состязательная область деятельности для специалиста в науке и технологии. Сама технология и многие особенности процесса и материалов описаны в моей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (Изд. Московского университета, 2010).

[179] http://www.amazon.com/s/ref=nb_sb_noss?url=search-alias%3Daps&field-keywords=Klyosov

[180] http://www.amazon.com/Wood-Plastic-Composites-Anatole-Klyosov/dp/0470148918/ref=sr_1_1?ie=UTF8&qid=1446646503&sr=8–1&keywords=Klyosov



Рис. 60. В компании Thermo Fibergen, 2004 год

В предисловии к своей книге я так описывал нашу продукцию – «…наши композиционные доски – просто подарок потребителю, причем подарок своевременный. Они совершенно не содержат каких-либо вредных веществ, они не могут занозить, и по ним можно ходить босиком, совершенно не беспокоясь о типичных последствиях ходьбы по доскам деревянным. Кстати, они сделаны изящно-шершавыми благодаря специальной обработке металлическими щетками. Они совершенно однородные по материалу, они не выгорают под действием солнца, так как содержат неорганические красители (окислы железа), которые выгореть или вообще окислиться дальше не могут, поскольку окислились уже до мыслимого предела. Они не повреждаются микробами, их не трогают древоточцы, их не нужно красить и перекрашивать, поскольку мы их выпускаем уже окрашенными практически навечно. Наконец, один из вариантов наших композиционных досок имеет

форму ребра “ласточкин хвост”, как паркет, и при установки на деке ребро одной доски прибивают или привинчивают, и покрывают его пазом соседней доски. Таким образом на всем деке не видно ни одного гвоздя. Только сплошное “деревянное” покрытие. Композиционные доски пилятся, режутся, прибиваются гвоздями или привинчиваются шурупами совершенно так же, как и обычные деревянные доски. Наши композиционные доски впитывают воду в 10–20 раз меньше, чем обычные деревянные доски.

С точки зрения научного сотрудника это – исключительно захватывающая область исследований и разработок. В ней сходятся полимерная химия, физика полимеров, химическая инженерия, сопромат, а также то, что называется “наука материалов”, или материаловедение. Здесь же – физическая химия целлюлозы, реология расплавов, и в особенности реология неньютоновских жидкостей. Это только начало перечня. Универсальных специалистов по всем этим областям нет. К тому же успех определяется взаимодействием и правильной координацией научных исследований с заводским, промышленным производством».

Но через десять лет работы нашей компании ее купила намного более крупная компания из штата Минессота, и наша компания переехала в Миннеаполис. Но я переезжать не захотел, и остался в Бостоне. Год мне продолжали платить зарплату в надежде, что я передумаю, но я не передумал. И вместо переезда перешел в биомедицинскую компанию, которую основал за шесть лет до того, но в ней формально не работал – перешел, как только мне перестали платить зарплату в прежней компании. Просто было неэтично быть вице-президентом своей компании, и к тому же старшим вице-президентом и главным научным сотрудником другой компании. Поэтому биомедицинская компания была «про запас», и я в нее перешел, как только такая возможность предоставилась. Там я возглавил научно-исследовательскую работу по созданию новых противораковых лекарств, и затем расширил область исследований на фиброзы и прочие острые воспалительные заболевания. Рак, как известно – это наиболее острое воспалительное заболевание, точнее, целый комплекс острых патологий. Компания тоже стала «паблик», причем через год после ее создания. Работа была крайне интересной и плодотворной, по этой тематике я опубликовал целую группу книг[181], проводил международные конференции, причем они проходили в знаменитом Гарвардском клубе в Бостоне, членом которого я был избран еще задолго до того, именно как профессор Гарвардского университета. Но несколько лет назад наша компания переехала в Атланту штата Джорджия, на новые площади и к новому клиническому центру. Работа компании стала почти исключительно клинической, в основном сводилась к испытаниям наших лекарств в клинике, и мой интерес стал уходить, поскольку я – не доктор медицины. Поэтому ситуация повторилась – я решил не переезжать и остаться в Бостоне. Тем не менее, я продолжаю оставаться в научном Совете компании, мне присвоили звание «почетный основатель компании» (Founder Emeritus)[182], что для американских компаний довольно редко, Emeritus – это обычно университетское звание.

5. ДНК-генеалогия

К тому времени я заинтересовался изучением ДНК для исследований истории популяций и человечества, и освобождение от ежедневных обязанностей научного руководителя биомедицинской компании дало мне возможность погрузиться в ДНК-генеалогию. Фактическое создание этого нового научного направления оказалось возможным благодаря моей первой научной специальности – химической и биологической кинетики, по которым я в свое время, еще в СССР, написал целый ряд монографий и

[181] http://www.amazon.com/s/ref=nb_sb_noss_2?url=search-alias%3Daps&field-keywords=Klyosov

[182] http://galectintherapeutics.com/who-we-are/scientific-advisory-board/

учебников для высшей школы, получил премию Ленинского комсомола (1978) и Государственную премию СССР по науке и технике (2004). Это дало мне возможность рассмотреть накопление мутаций в ДНК как нормальный процесс химической/биологической кинетики, а поскольку это моя стихия, то создать расчетный аппарат ДНК-генеалогии, который фактически превращал картину мутаций в Y-хромосоме ДНК в хронологические показатели, иначе говоря, проводить датировку времен жизни (мужских) популяций, а отсюда – перебрасывать мостик к динамике исторических процессов, включая происхождение человека. С 2006 года я начал публиковать статьи по ДНК-генеалогии – сначала научно-популярные, с 2008 года – в Вестнике ДНК-генеалогии, с 2009 года – в академических журналах, с 2010 года – публиковать книги по этой тематике. В 2007 году была создана Академия ДНК-генеалогии, сначала в США, и в июле 2015 года – официально зарегистрирована в России. Остальное – выше в этой книге и на сайтах Академии ДНК-генеалогии http://dna-academy.ru/, Переформат http://pereformat.ru/klyosov/, и на моем сайте http://www.anatole-klyosov.com. Там – списки опубликованных статей, книг и прочие «показатели».

Часть III
Кто, как и за что «критикует» ДНК-генеалогию

Как уже отмечалось выше, «критики» легко подразделяются на несколько категорий. Наиболее значительная – просто малограмотные. Не в том смысле, конечно, что плохо умеют читать и писать, а в том, что плохо усваивают прочитанное, или вообще не читают то, что нужно. Что еще хуже – они не могут понять, что критикуя специалиста, тем более публично, они ставят себя в смешное положение. Специалист отличается от неспециалиста, дилетанта тем, что во многих случаях знает материал намного более широко и глубоко, систематически изучает специальную литературу, знает материал «многослойно». Дилетант, напротив, знаком с вопросами поверхностно, рассуждает «по понятиям», как ему кажется – «логически». Поразительно, что такому «критику» обычно не приходит в голову то, что он может ошибаться, и наверняка ошибается. Более того, чем более дилетант безграмотен, тем он более агрессивен, судит безапелляционно. Этим особенно отличаются российские дилетанты. На Западе, по моим многолетним наблюдениям, люди более толерантны к мнению другого, в споры обычно не лезут, и часто, не дожидаясь начала спора, расходятся, говоря – «у вас свое мнение, у меня свое, на этом и закончим». В России агресивный спор – это типичное «выпускание пара», отстаивание своего эго, и никогда и ни за что признание, или осознание своих ошибок. Такие лезут в критику ДНК-генеалогии легионами. Почему, зачем, какая цель? Да просто так. Агрессия выпирает.

Вторая категория – злонамеренные. Дело там вовсе не в ДНК-генеалогии, там расхождения мировоззренческого характера. Это люди принципиально непримиримые, они не выносят другого мнения. Они идут на персональное «уничтожение», или так им кажется. Причины могут быть самые разные. Например, они откровенные русофобы (таких в современной России много, как ни удивительно), а им представляется, что «ДНК-генеалогия говорит о величии славян», о «преувеличении роли славян в древней истории». Это – цитаты из выступлений кандидата исторических наук, доцента РГГУ Евгения Пчелова. Неудивительно, Пчелов – откровенный норманнист, то есть идеологический сторонник тех, с кем дрался (в том числе физически) М.В. Ломоносов еще 250 лет назад. Но Ломоносов дрался с немецкими норманнистами, а Пчелов позиционирует себя как русский, вот что удивительно. Норманнисты уже 250 лет развивают концепцию, что Русь была создана скандинавами, и что именно скандинавы создали на Руси все лучшее – ремесла, военное дело, даже государственность. Славяне же были тупые и ленивые, из этого и исходит концепция норманнистов. Согласно норманнистам, на Руси было множество скандинавов, причем их число приумножалось, и чем норманнисты становились безнаказненнее, тем

больше становилось скандинавов на Руси. Об этом я писал в ответе на Вопрос 91, как и о том, что ДНК-генеалогия потомков тех скандинавов в России, Украине, Белоруссии, Литве не обнаружила. А вот на Британских островах – их много, помимо самих скандинавских стран. То есть не на восток ходили скандинавы, а на запад. Но это новое знание норманнистам – как кость в горле. Поскольку раз нет в России потомков – то не было и предков, во всяком случае в сколько-нибудь заметных количествах. Ломается все норманнская теория как карточный домик. Получается, что вся норманнская теория – это не наука, а чистая идеология, а все остальное к ней притянуто за уши и сфальсифицировано. Ну как при таком раскладе не ненавидеть ДНК-генеалогию? Вот и очередной откровенный норманнист объявляет с трибуны конференции, что данные ДНК-генеалогии не надо принимать во внимание. Крыть-то больше нечем…

Поэтому таким ДНК-генеалогия мешает по идеологическим соображениям, науки у них там нет. А раз науки нет, то остаются только попытки дискредитировать оппонентов. Иллюстрации были даны выше и будут даны ниже.

Третья категория тех, кому мешает ДНК-генеалогия – это группа популяционных генетиков, ведомых в России матерью и сыном Балановскими, докторами биологических наук. ДНК-генеалогия показала, что они уже по меньшей мере 10 лет наводняют журналы неверными расчетами по мутациям в ДНК, и, соответственно, неверными интерпретациями исторического характера. Это уже стало настолько ясно, что деваться некуда. Впрочем, деваться было куда. Один вариант – это признать, что используемая ими расчетная методология в попгенетике все эти годы была неверной, отозвать немало статей, выправить результаты, и в дальнейшем использовать правильные подходы к расчетам. Но на это российских попгенетиков Балановских нехватило. Они выбрали другой путь – агрессивной атаки, в корне лживой. Научную часть они атаковать не могли, поскольку понимали, что в ДНК-генеалогии считают правильно, и потому атака была направлена исключительно на дискредитацию оппонента. Было организовано коллективное письмо за 24 подписями, причем практически все подписавшие и понятия не имели о ДНК-генеалогии. Принцип был все тот же, давно проверенный – «не читал, но осуждаю». Ниже в этой книге будут рассказано, кто эти подписанты, и насколько они компетентны в «критике» ДНК-генеалогии, да и в своих науках.

Я был бы искренне рад, если бы эти три категории «критиков» можно было бы дополнить критиками конструктивными. Например, теми, кто разобрался в методологии расчетов хронологических показателей на основе картин мутаций в Y-хромосоме, обнаружили у нас ошибки, и предложили более корректные методы расчетов. Или обоснованно предложили более подходящие значения констант скоростей мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Или показали, что миграционные пути древних носителей определенных гаплогрупп были другими, чем мы выявили, и обоснованно предложили другие маршруты древних миграций. Но таких, увы, пока не было. Да истинно научные дискуссии и проходят обычно спокойно, без агрессивных атак, в отличие от нападок идеологического характера, замешанных на русофобии, славянофобии, норманнизма, или на истерике Балановских, которые сами себя загнали в угол.

Так что рассмотрим все три категории «критиков», и дадим ряд примеров. Это будет полезно и для иллюстрации основных положений ДНК-генеалогии, и для демонстрации ментальности «критиков». Последнее, впрочем, может представить интерес и для психологов, или, скорее, психиатров.

Итак, три категории «критиков» ДНК-генеалогии и ее творцов и исследователей.

Категория 1
«Критика» дилетантского характера, или попросту безграмотность

Пример 1 . Некий Маркс Тартаковский пишет: «У *меня уже при первом знакомстве (с* ДНК-генеалогией – ЛАК) *было существенное сомнение в ее состоятельности. Я полный*

профан в математике… Маркер, по А. Клёсову, «прицеплен» лишь к мужской линии. Непррывная цепочка мужских предков не может практически простираться сколь-нибудь далеко. Рождение мальчика – случай из двух возможных; мальчиков в двух поколениях – одна четвертая. Непрерывная цепочка 12 мужских предков – шанс из четырех тысяч! Непрерывная цепочка практически немыслима».

Это, конечно, тяжелый случай. Меня всегда занимает желание некоторых выставлять себя публично глупцами. От необходимости моего комментария избавляет следующий, идущий немедленно вслед за комментарием Тартаковского: «Вы всерьез полагаете, что один из ваших предков по мужской линии не имел биологического отца?»

Пример 2 . Некто «зырянин-язычник» пишет – *«достаточно задать вопрос этому Ученому, с чего он взял, что словены пошли с юга, если гаплогруппа P, откуда вышла R, встречается исключительно в Сибири и на Урале».* Ну, что на это сказать? То, что словены «пошли с юга», историки утверждают уже многие столетия, это описано в «Повести временных лет», которая служит самым авторитетным источником у профессиональных историков. В этом источнике славяне записаны рядом с Иллирией (это – западная часть Балкан). И далее – «Дальше летописец рассказывает о разрушении Вавилонской башни и рассеянии людей и языков:

«Симъ же, и Хамъ и Афетъ, раздѣливше землю, и жребии метавше, не переступати никомуже въ жребий братень, и живяху кождо въ своей части. И бысть языкъ единъ… столпъ до небесе и городъ около его Вавилонъ, и здаша столпъ за 40 лѣт, и не свѣршенъ бысть. И сниде Господь Богъ видѣть город и столпа, и рече Господь: «Се родъ единъ и языкъ единъ». И смѣси Богъ языкы, и раздѣли на 70 и на два языка, и рассѣя по всей земли. По размѣшеньи же языкъ Богъ вѣтромъ великомъ раздруши столпъ… По раздрушении же столпа и по раздѣлении языкъ прияша сынове Симовы въсточныя страны, а Хамовы же сынове полуденныа страны».

Далее – то, что выпало на долю «сынов Иафета», образование словенского языка и самих нориков-словен:

«Афетови же сынове западъ прияша и полунощьныя страны. От сихъ же 70 и дву языку бысть языкъ словенескъ, от племени же Афетова, нарѣцаемѣи норци, иже суть словенѣ».

Эту цитату историки повторяют тысячи раз, выводя славян то из Иллириии, то из Паннонии, то из Дакии, то из Норика, маленького государства на восточном склоне Альп, между Рецией и Верхней Паннонией, которое существовало во второй половине I тыс до н. э. Академик В.В. Седов в своей книге «Происхождение и ранняя история славян» (1979) пишет – *«по Нестору древнейшей территорией славян были земли по нижнему течению Дуная и Паннония».* Взглянем еще, например, на недавнюю книгу Бориса Акунина «История Российского государства» (М., АСТ, 2013), раздел «Русославяне». Он пишет – «с *определеной уверенностью можно сказать, что предки славян примерно во II веке христианской веры вышли из Дакийского царства, к числу народов которого они до той поры принадлежали* ». Дакия – это северная Румыния и Молдова, немного захватывая современные Венгрию, Болгарию, Сербию, Украину. Даки, или геты (как их называли греки), они же ветвь фракийцев, в итоге захваченные римлянами, после чего Дакия стала римской провинцией. То, что пишет Б. Акунин, хотя он и не профессиональный историк, разделяют многие российские историки. Иначе говоря, по их представлениям, славяне вышли из Румынии и прилегающих территорий, причем только во 2-м веке нашей эры. До этого славяне, видимо, были вообще непонятно чем. На самом деле это было, конечно, не так, и ДНК-генеалогия показала, как глубоко в историю уходят корни современных славян и

этнических русских. Путаница у историков происходит, как правило, от того, что «славяне» для них это лингвистическая категория, то есть народы, говорящие на языках слявянской группы. Точнее, это «этноязыковая общность», с упором на «языковую».

Так вот, нет никакого противоречия в том, что «славяне пошли с юга», и в том, что далекие предки славян гаплогруппы R1a «пошли с Сибири». Всему есть своё (именно своё) время и место. В Сибири предки славян (и не только славян) гаплогрупы R1a (а до того – гаплогруппы R1, а до того – гаплогруппы R, а до того – гаплогруппы P) жили 20 тысяч лет назад, на юг Европы пришли после долгой миграции примерно 10-9 тысяч лет назад, на Русскую равнину перешли примерно 4600 лет назад, частью разошлись по разным направлениям как исторические арии примерно 4500 лет назад (на юг – в Месопотамию как митан-нийские арии, на юго-восток – как авестийские арии, на восток, и затем в Индостан – как индоарии), на восток и затем в далекое Зауралье – как создатели синташтинской, андроновской, тагарской, таштыкской археологических культур, как будущие скифы. Начиная с середины – второй половины II тыс до н. э. славяне гаплогруппы R1a (кто-то скажет – будущие славяне, хотя четких критериев все равно нет) волнами миграций отправлялись со Среднерусской равнины, с Полесских территорий на запад, в Европу, на юг – на Адриатической море, в Малую Азию, чтобы стать будущими венетами и венедами, и закрутить миграции по всей Европе, а в I тыс н. э. прошли волны обратных миграций на восток, на территории современных Белоруссии, Украины, России.

Так что никакого противоречия между возникновением гаплогруппы R1a в Южной Сибири, прибытием их в Европу многими тысячелетиями позже, волнами европейских миграций с запада на восток и с востока на запад на протяжении тысячелетий – никакого противоречия нет. Поэтому утверждать, что «словены пошли с юга», как и из любого другого региона, никаких оснований нет, не поясняя, а откуда на юге появились словены, как нет оснований и для поисков «прародины славян», особенно когда для «славян» не дается четкого определения. А его, пожалуй, и быть не может, особенно когда разговор заводят о «появлении самосознания славян», и ищут тот конкретный регион и то конкретное время, где и когда «самосознание» якобы появилось. Видимо, прямо в готовом виде. Видимо, при этом полагают (или просто не думают), что древние миграции протяженностью в тысячи километров и продолжительностью в тысячи лет люди преодолевали без «самосознания», и никто не поддерживал древние традиции, уклад жизни, и старшие не передавали свой опыт молодым. И что это самосознание не перетекало постепенно, тысячелетиями, в самосознание славян. К тому же славяне – это далеко не только носители гаплогруппы R1a, это носители и гаплогруппы I2a, и гаплогруппы N1c1, и у всех самосознание формировалось тысячелетиями, и тоже постепенно перетекало в самосознание славян, и не только славян. И это все относится в полной мере не только к самосознанию, но и к языку, который тоже не появляется внезапно, в середине I тыс н. э. у славян. Нет у языка и самосознания начала, как нет и «прародины». Именно потому и необходима ДНК-генеалогия историкам и археологам, чтобы соотносить свои умозаключения и вязкие «критерии» типа «возникновение самосознания» с объективными, количественными данными современной науки.

Пример 3 . Часто приходится видеть рассуждения «по понятиям», что раз у предполагаемых «рюриковичей», русских князей, нашли гаплогруппу N1c1, то «Русью правили финно-угры». Откуда появилось это «знание», что N1c1 – это непременно финно-угры, остается только удивляться. Финно-угры – это носители финно-угорских языков, как славяне – в той же системе координат – носители славянских, индоевропейских языков. Литовцы, белорусы, украинцы или русские, имеющие гаплогруппу Niel, говорят на языках славянской и балто-славянской группы индоевропейской языковой семьи. Никакие они не финно-угры.

ДНК-генеалогия показала, что носители гаплогруппы N1c1 начали миграцию с Урала на запад примерно 3500–4000 лет назад, и на том пути на Балтику миграционный поток разделился – одни ушли севернее, на территорию будущей Финляндии, другие – к южной части Прибалтики. В итоге «южно-балтийская» часть мигрантов прибыла на берега Балтики

примерно в середине I тыс до н. э., а «финская» часть мигрантов – в начале I тыс нашей эры. Южные балты смешались с индо-европейской (по языку) гаплогруппой R1a, которая обитала на Балтике уже по меньшей мере тысячу лет, и в итоге сами перешли на индо-европейский язык. Северные популяции гаплогруппы N1c1 сохранили свой финно-угорский язык. Поскольку это разделение произошло более двух-трех тысяч лет назад, гаплотипы этих двух частей одного в прошлом народа за это время разошлись, и многие финны имеют в гаплотипах «подпись» 10–10, 13-13-14-14, в то время как многие жители евразийской и южно-балтийской части имеют 9–9, 14-14-15-15 (маркеры DYS459 и DYS464, соответственно). Так вот, русские князья-«рюриковичи» имеют в своих гаплотипах варианты 9–9 и 14-14-15-15, то есть их предок – из южных балтов, а не финно-угров.

Пример 4 . Цитата: «*Похоже, очень уж Израиль озаботился доказыванием первородства ариев-русов (в ущерб себе), коль скоро присудил премию А.А. Клёсову. Только вот с чего бы ходить стали по сети вбросы «евреи – это и есть русы»?!».* Понятно, что за всеми глупыми цитатами не угнаться, да и не надо, но у этой – своя предыстория, причем не одна, поэтому ее стоит разобрать в образовательных целях.

Речь здесь идет о золотой медали и дипломе, которыми меня наградила Международная ассоциация коэнов в 2009 году за «крупный вклад в изучение истории еврейского народа», как сформулировано в дипломе на иврите. Коэны – это еврейское высшее духовенство, так сказать; они же предполагаемые потомки библейского Аарона, брата Моисея, хотя с доказательствами прямого родства с Аароном там много проблем, хотя что может в отношении подтверждения этого родства, Ассоциация делает, как и Российское дворянское собрание в отношении своих членов. Награду (денежной премии там не было) я получил за серию статей о ДНК-генеалогии евреев на английском и русском языках, за которую (серию статей) я был также четырежды удостоен диплома международного еврейского сайта в категории лучших научно-популярных очерков. Роль в присуждении награды Ассоциации коэнов сыграло и то, что я провел анализ серии гаплотипов коэнов, представленным мне Ассоциацией, и показал, какие из них имеют большую вероятность оказаться потомками одного человека, который жил примерно 3300–3600 лет назад и имел типичный еврейский гаплотип, а какие никак в его прямых потомках оказаться не могут, да и гаплотип у них не характерный ближневосточный. А коэнам очень важно знать, кто из них «настоящий коэн», а кто нет, потому что – согласно иудаистике – когда придет мессия, то светильник в Храме должен непременно зажигать настоящий коэн, иначе не избежать крупных неприятностей. Вот я им, получается, немного помог разобраться в этом вопросе, во всяком случае хотя бы в предварительном варианте.

Как видно, ни малейшего отношения это не имело ни к ариям, ни к русам. Но язык, как говорится, без костей, в том числе и у некого «selenadia», который эту фальшивку вбросил. Но то, что в сети активно муссируются безумные «идеи», а то и утверждения, что русские произошли от евреев, что русский язык произошел от иврита, что скифы были евреями, что евреи создали Аркаим (4000 лет назад!), и прочие «сведения», достойные внимания психиатров, это действительно так, муссируются. Более того, не только в сети. Публикуются книги, в которых «доказывается», что русский язык произошел от иврита. Особенно активны в этом В.Е. Бершадский и Б.Альтшулер. Последний пишет «Анализ имён русских и болгарских князей периода Древней Руси показывает их исконную ивритскую сущность», и продолжает – *«Святослав: свя* – довольный, *то(в)* – хороший, *с* – человек низкого происхождения, *ис* – креатура, субстанция, объект; лав – лев, собирающий жителей. Расшифровка всего предложения даёт нам хорошего и довольного (результатом битвы) человека-льва». Замечательно, не так ли? Нужно было по отдельным буквам расшифровывать, получилось бы девять слов, все на иврите. Хороший лингвистический подход. Характерны комментарии к «исследованию» Б. Альтшулера на том же еврейском сайте, где оно было опубликовано (не даю линк, чтобы не делать рекламы этой ерунде):

– *Уважаемый Борис, простите великодушно, но масштаб Вашего филологического*

невежества не позволяет вести с Вами никакую полемику. Вы ошибаетесь не только в каждой мысли и в каждом предложении, но даже в каждом слове!

– Тот, кто делает расшифровки слов, должен помнить, что согласные звуки в ивритских корнях НИКОГДА не теряются. Нельзя делать расшифровку слова «Святослав» так – «Свя-То (в) – с– лав», опуская звук (в) в слове בוט*. В русских словах могут меняться гласные звуки, бывает замены Б-В, Ш-С, Х-К, Т-С, но никогда не теряются согласные!*

– По поводу имен князей – зачем тащить сюда за уши ивритский «лав» – «лев», когда в любом славянском языке есть «слав», имеющий вполне понятное значение?

– будем ждать статьи о происхождения китайского и японского языков от иврита.

– мысль о том, что колено Дана положило начало Дании – у меня нет слов. У автора – по моему убеждению – сильно поехала крыша…

– Сначала мне показалось что это такое изощренное издевательство над здравым смыслом. Но после вторичного обращения к тексту решил, что автор просто сошел с ума. А жаль!

– такие вещи не должны печататься в серьезном издании. Это абсолютно антинаучный текст.

– Бориса Альтшулера прочитал с большим удовольствием. Неповторимая бредятина!

– сообщу потрясенной публике, что распространенная в Мексике фамилия – Хуарес – занесена туда славянами, поскольку любой обитатель Средне-Русской Возвышенности легко догадывается о значении этого слова.

– Абсолютный бред. Масса грубых ошибок в ивритских словах, помимо общего подхода, напоминающего труды тысячелетней давности.

– Я с огромным неунывающим интересом прочел Ваш труд и пришел к выводу, что могу поспособствовать в Ваших дальнейших изысканиях. Вот название части света: Европа. Любой исследователь с незаконченным высшим образованием сразу же отметит, что это название состоит из двух слившихся слов: «Евр…» и «…опа». Понятно, что первое слово, это обрезанное: «Еврейская». Со вторым словом немного сложнее…

– Изучение топонимики показывает, что одно из утерянных коленец Израилевых вышло на берега реки Днестр. Оглянувшись вокруг и увидев вместо злобных арабов мирно пасущихся молдаван, возглавлявший коленце каган Коган радостно воскликнул: «Это таки настоящая Безарабия».

– «Альтшулер» – расшифровывается как «Альт» – «Старый», а вторая ее половина в переводе и вовсе не нуждается.

Подобных коментариев к статье десятки, нет места их все приводить. Надо заметить, что все до одного они сделаны евреями. Но когда этот бред, что русский язык произошел от иврита, гуляет по русским сайтам, коментариев к этому у меня просто нет. Это или ерничество, стеб, либо вбросы со стороны провокаторов, либо уже поле деятельности психиатров.

То же, впрочем, можно отнести и ко многим энтузиастам созвучий между русским и тюркскими языками. Только что вышла очень интересная и познавательная книга Ю.Н. Дроздова ”Моски, русы и Московское государство”, но он там любые русские слова, географические и исторические термины, имена все по-слогово «расшифровывает» как тюркские. Например, Суздаль – как Суз-даль, у обоих слогов есть тюркские эквиваленты, получается «ветвистая речь». То же самое, Муром расшифровывается как Му-ром, «община срубников». Далее Костр-ома («община прижимистых»), Ях-р-ома («община сторонних мужей»), поселок Акатово – ак-ат-ово («род белоконных»), Москва – нет проблем, моск-ова, где есть тюркское слово «оба» – род или племя, а «Моск» – от названия некого мускусного животного. Ки-ев, тоже тюркское слово, Рюрик, имя Игорь – нет проблем, Иг-орь. Хотите Владимир – пожалуйста, В-оло-димер («почтенный», «крепкий, как железо»). Тоже тюрк.

Пример 5 .

Одним из примеров «критики», содержащей общие слова и никакой «конкретики», является короткая заметка в английском сетевом издании Molecular and Cultural Evolution Lab, в разделе «Problematic Theories" («Проблемные теории»). В этом разделе почти «под запятую», бегло, по два-три абзаца описываются разные концепции, которые, надо полагать, не нравятся безымянному автору раздела. Автор недоволен тем, что многие концепции публикуются в книгах или в журналах «открытого доступа», которые публикуют статьи за плату, и тем самым имеют возможность делать статьи доступными для любого читателя. Надо сказать, что в последнее время проводится организованная атака на журналы «открытого доступа», на том основании, что статьи там не проходят рецензирование со стороны специально подобранного корпуса «рецензентов» в «академических журналах». Недовольство, что статьи в таких журналах публикуют за плату, является откровенным лицемерием, поскольку «академические журналы» тоже, как правило, взимают деньги с авторов, причем статьи делают недоступными для читателя, и открывают их только тем читателям, которые платят за доступ к статьям либо постатейно, либо ежегодной выплатой издательству. Так что стенания по поводу выплат авторами для публикации в журналах «открытого доступа» действительно являются лицемерными. Зато читатели имеют бесплатный доступ к любым статьям в таких журналах, в отличие от журналов «академических». В любом случае издательство вынуждено взимать деньги, чтобы существовать, причем, повторяю, в журналах «открытого доступа» платят только авторы, а в «академических журналах» платят и авторы, и читатели. Что здесь лучше и справедливее? Я бы лично только приветствовал не платить ни как автор, ни как читатель, но это уже нереально, потому что платить кто-то должен, для поддержания журнала и выплаты зарплат деньги нужны.

Так что деньги авторов при атаках на журналы «открытого доступа» не при чем, там другие причины. Это – страх конкуренции. Журналы «открытого доступа» демократичнее, их стало очень много, и сроки публикации там намного меньше. Они выставляются в сети (но не только, многие выходят и в бумажном варианте), и доступны любому читателю. Происходит отток авторов в журналы открытого доступа, и это тревожит издателей «академических» журналов. Кстати, и понятие «академические» здесь неуместно, потому что большинство журналов «открытого доступа» настолько же академические. В журнале «Advances in Anthropology» (Успехи антропологии), главным редактором (Editor-in-Chief) которого я являюсь, редколлегия почти полностью состоит из профессоров университетов. Чем, по какому критерию этот журнал не академический? Тем, что авторы, подающие в наш журнал статьи, не проходят через коррумпируемых рецензентов, повязанных друг с другом и многими авторами «деловыми связями»? У нас – свои рецензенты, и я уверен, что, например, Балановские через наш журнал бы не прошли, им подробно бы в рецензии объяснили, что их статьи не достигают уровня публикации, и объяснили бы, почему.

Так вот, возвращаемся к разделу «Проблемные теории» в английской сетевой заметке. Автор там высказывает недовольство некоторыми концепциями, но, как принято в «академических» (это – ирония) изданиях, ничего конкретного в своих претензиях не приводит. Как водится, он сыпет общими фразами, что обычно выдает дилетанта. Вот его стиль – *«Многие генетические исследования, поддерживающие концепцию «выхода из Африки», основаны на анализе Y-хромосомной ДНК и митохондриальной ДНК»; «анализ древних ДНК, проведенный в последние несколько лет, теперь начинает трансформировать наше понимание и знания».* Узнаете стиль откровенных жуликов от науки? Хоть что-то есть здесь конкретное? Знает ли автор, что ни одной (!) древней ДНК в Африке не исследовали, во всяком случае до выхода той статьи, и никаких результатов нет. Все, именно все «генетические исследования» по «выходу из Африки» основаны на натяжках, ошибках, постулатах, фактическом подтасовывании данных. Именно это подробно разбиралось в моих двух статьях про «выход из Африки», опубликованных в Advances in Anthropology в 2012 и 2014 гг (первая – в соавторстве с И.Л. Рожанским). А направил бы я те статьи в те журналы,

к которым призывает «критик»? К тем «рецензентам»? Ответ был бы стандартным, типа «давно известно, что современное человечество вышло из Африки, статью отклонить». Никакого критического анализа статьи не было бы и близко.

В таком же стиле мне в этой заметке был посвящен один абзац. Он начинается с неодобрительной констатации, что мной предложена концепция «в Африку» (в противоположность «выхода из Африки»). Все остальное в абзаце – либо безотносительно, либо неконкретно. Сообщается, что я по образованию химик, что живу в США. Что много пишу по теме, которую называю «ДНК-генеалогия». Что «почти все его исследования он публикует сам» – что неверно, они опубликованы в разных журналах – J. Genetic Genealogy, Human Genetics, Биохимия, Europ. J. Human Genetics, Frontiers in Genetics, Advances in Anthropology, Rock Art Research, Исторический Формат. Сообщается, что в журнале Advances in Anthropology среди членов редколлегии нет специалистов по популяционной генетике. Мой ответный комментарий – а зачем они там? Это журнал по антропологии, и попгенетикам там делать нечего. У них не та школа, точнее, школы у них вообще нет, у них в основном примитивное мышление. А у «критика» иллюзия, что попгенетики кому-то нужны, кроме как типировать гаплотипы (как правило, короткие) и помещать в базы данных.

Кстати, совсем недавно, в октябре 2015 года, в журнале Science опубликована статья[183], главный вывод которой такой – что типичное африканское племя Мота в Эфиопии, которое раньше считалось образцом «чистых африканцев», оказывается, мигрировало в Африку из Азии несколько тысяч лет назад. Авторы сообщают, что масштабы миграции в Африку – в Центральную, Западную, Южную Африку – намного больше тех, о которых представляли еще совсем недавно.

Интересно, что теперь «критик» делать будет? А ничего, и глазом не моргнет. Это такой народ, гуттаперчевый.

Далее «критик» сообщает, что в 2012 и 2014 гг мной опубликованы в Advances in Anthropology две статьи, в которых опровергаю «выход из Африки». Это так, подтверждаю. Но далее «критик» пишет, что этот мой анализ основан на Y-DNA и мтДНК, которые *«имеют ограниченную ценность в изучении происхождения человека».*

Читаешь вот такое, и думаешь, чем тот «критик» думает? Или он вообще не думает? Это же пустые декларации, ничем не обоснованные. Почему ограниченную ценность, чем она «ограничена»? Обе статьи, которые критик» упоминает (на самом деле там были три статьи об Африке) подробно описывают, в чем суть анализа ДНК-генеалогии, и что принципиально нового этот анализ дал. Эти статьи просмотрели более 90 тысяч человек, и более 20 тысяч человек статьи «скачали» (см. рис. 28). А критик выдает шаблонные фразы – «имеют ограниченную ценность в изучении». Откуда такая серость берется?

Ну и под запятую – сколько людей интересуются моими статьями. Диаграмма ниже – с сайта Research Gate, это профессиональный информационный сайт, который информирует авторов, какой спрос имеют их статьи в научном сообществе. Данные на диаграмме – за последние два года, с середины 2013 года, с начала моей регистрации на этом информационном ресурсе. Чтобы было понятнее – первое число показывает, сколько раз мои статьи «скачали», второе – сколько раз их просмотрели, третье – сколько раз за последние два года процитировали в других научных публикациях, и последнее – сколько раз поинтересовались моим профессиональным описанием.

---

[183] Llorente, M.G., Jones, E.R., Eriksson, A., Siska, V., Arthur, K.W., Arthur, J.W., Curtis, M.C., Stock, J.T., Coltorti, M., Pieruccini, P., Stretton, S., Brock, F., Higham, T., Park, Y., Hofreiter, M., Bradley, D.G., Bhak, J., Pinhasi, R., Manica, A. (2015) Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture throughout the African continent. Science DOI: *10.1126/science.aad2879*

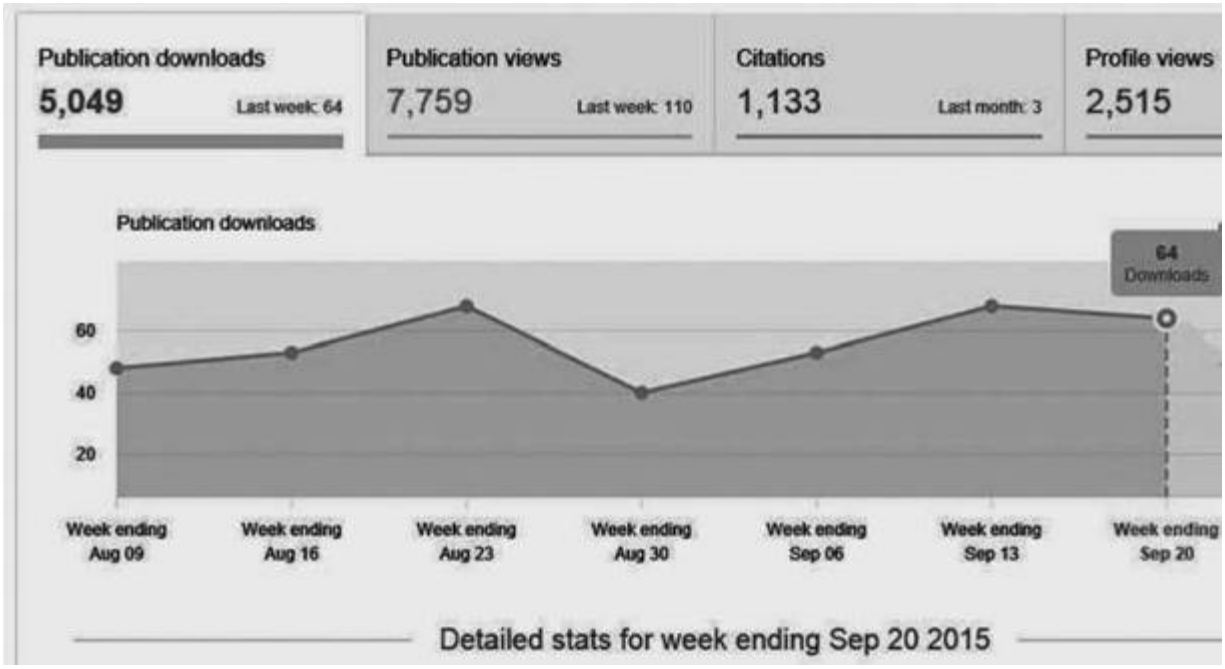


Рис. 61. Диаграмма с профессионального информационного сайта Research Gate, который информирует авторов, какой спрос имеют их статьи в научном сообществе. Данные на диаграмме – за последние два года, с середины 2013 года. Первое число показывает, сколько раз мои статьи «скачали», второе – сколько раз их просмотрели, третье – сколько раз за последние два года процитировали в других научных публикациях, и последнее – сколько раз поинтересовались моим профессиональным описанием.

Пример 6 . Есть такой проповедник антисемитизма, по имени Ризван Ибрагимов, канд. техн. наук, подписывается как чл. – корр. РАЕН. В своей сетевой статье «Генетика против евреев» под шапкой «Еврейский народ не тот, за кого себя выдает», он выдает очередную порцию антисемитизма, но ему не привыкать. Читаешь это писания – и ясно, что человек неадекватен. Я бы не стал здесь вообще о нем упоминать, но он имел неосторожность затронуть как историю еврейского народа, так и ДНК-генеалогию, причем настолько безграмотно по обоим направлениям, что мимо пройти просто нельзя.

Начинает Ибрагимов с того, что он *«всячески доказывал невозможность принадлежности евреев роду великого патриарха»,* но вот прочитал мои работы и осознал, что арабы и евреи действительно имеют одного общего предка, и даже двух, в гаплогруппах J1 и J2. Но, видимо, осознал не полностью, потому что пишет, что мои выводы вовсе не оригинальны, поскольку и другие указывали, что евреи и бедуины имеют общие корни. Причем здесь евреи и бедуины, когда у меня речь была про евреев и арабов, он не поясняет. И вот с такой степенью понимания Ибрагимов берется за обсуждение истории евреев и ДНК-генеалогии. Тут же добавляет, что «гаплогруппы J1 и J2 не являются исключительной принадлежностью евреев», и есть у многих кавказцев, которые евреями не являются. На самом деле это широко известный факт, и не только у кавказцев, но и у огромного количеств жителей Средиземноморья.

Но Ибрагимов не случайно переходит на кавказцев. Дальше – больше. Пророк Мухаммад, он же Магомет, оказывается, «был ниспослан из среды древних нахов», то есть чеченцев. «Поэтому среди всех народов мира сегодня есть выходцы из нахов», витийствует член-корреспондент РАЕН. ДНК-генеалогия, будь у нее руки, в ужасе бы их воздевала. Такого «среди всех народов мира» нет и близко. Откуда это ибрагимовы берут – тайна сия великая есть. Каждый раз, когда Ибрагимов переходит к ДНК-генеалогии, остается только пожимать плечами. «Гаплогруппа», пишет Ирагимов, «это набор схожих гаплотипов». Это, конечно, не так. Во-первых, «схожих» – это настолько неопределенное понятие, что в науке

такого нет. Во-вторых, определение гаплогруппы с гаплотипами вообще не связано, оно связано со снипами, с SNP, необратимыми мутациями в Y-хромосоме. Гаплотипы в одной гаплогруппе могут быть исключительно разными, например, различаться на эквивалент в 100 тысяч лет. *«Эквивалентное понятие в ДНК-генеалогии носит название «генотип»* , пишет Ибрагимов, но нет понятия «генотип» в ДНК-генеалогии. Хотя бы потому, что ДНК-генеалогия не рассматривает гены.

Далее Ибрагимов переходит к ариям, цитируя следующее – *«Арии – существа божественной природы, воплотившиеся в нашем мире… Боги, небожители, посланцы богов, полубоги – называйте их как угодно».* Ибрагимов цитирует Коран (44:3032) – «И мы спасли сынов Исраила от унизительного наказания…», и уверен, что сыны Исраила – это именно арии. Не напоминает сентенция про ариев, что они сверхчеловеки, что-то из относительно недавнего прошлого? Особенно вкупе с откровенным антисемитизмом? Этот человек к ДНК-генеалогии вообще не должен прикасаться.

Затем Ибрагимов переходит ко мне. Он пишет – *«Абсолютно верно характеризуя ариев как самом «продвинутое» сообщество древности, А. А. Клёсов делает существенную ошибку, увязывая их с носителями гаплогрупп R1a. Оснований, подтверждающих такую связь, не приводится, и в этом слабое место его работы* ». Здесь у Ибрагимова – гроздь недоразумений и ложных положений. Во-первых, я никогда не писал про ариев, как *«самое продвинутое сообщество древности* ». Ибрагимов не дает цитаты по простой причине – ее в природе не существует. Я вообще не оперирую понятиями «продвинутых обществ древности». Для меня все гаплогруппы по уровню одинаковы, но по понятным причинам гаплогруппы, которые я по разным причинам изучаю, во время изучения представляются самыми интересными. Интересными для меня лично, но не «сверхчеловеки» и не «продвинутые». Во-вторых, арии, которые по определению мигрировали с севера на Иранское плато и в Индостан в середине II тыс до н. э., действительно являлись преобладающе носителями гаплогруппы R1a. На это указывают и датировки общих предков, и состав субкладов, и состав высших каст Индии, которые до 72 % по численности состоят из гаплогруппы R1a. Здесь Ибрагимов просто показывает свою неосведомленность. К сожалению, таких неосведомленных в сети пруд пруди.

Еще неосведомленность Ибрагимова, которая приводит к искажению сведений, полученных ДНК-генеалогией. Он считает, что «источник происхождения гаплогруппы R1a у евреев» остается неизвестной. Но это не так. Это давно было описано и в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, опубликовано в книге «Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии» (Клёсов, 2015, стр. 234–235), и изложено выше в этой книге в ответе на Вопрос 100. Суть в том, что гаплогруппа R1a у евреев от ариев, и передавалась им, евреям, по цепочке субкладов Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 (образовался примерно 3900 лет назад), и далее последний субклад разошелся на серию недавних субкладов, возрастом 1400–1200 лет. Только последние субклады выжили, поэтому практически все современные евреи гаплогруппы R1a – потомки выживших общих предков примерно 1300 лет назад.

* * *

Ибрагимов очень хочет приписать ариев чеченцам, но, понятное дело, не получается. Поэтому у него задача – подвергнуть сомнению наличие гаплогруппы R1a у исторических ариев. Задача эта безнадежная, но он этого не понимает. Пишет – *«у чеченцев, претендующих на арийство, R1a практически отсутствует* ». На каком основании чеченцы «претендуют на арийство», Ибрагимов не поясняет. Далее он переходит на «теории» происхождения гаплогруппы R1a в Индии, основанные на ошибочных расчетах с помощью «популяционных скоростей Животовского», и начинается вообще чехарда, не стоящая описания здесь. А дальше, с очевидной склонностью к теории заговоров, Ибрагимов начинает нести откровенную и провокационную чушь. То, что у исторических ариев преобладала

гаплогруппы R1a, и она же преобладает у современных этнических русских, да и вообще у славян России, Белорусии, Украина, Польши, видится Ибрагимову *«абсурдной и крайне важной с пропагандистской точки зрения», которая «используется для решения следующих задач:*

1) *Заставить русское население России поверить в свою уникальность и исключительность, стимулировать гордыню и высокомерие, тем самым противопоставить русских, а затем стравить с братьями по происхождению.*

2) *Разобщить народы России, втянуть в междоусобные войны и развалить страну.*

Нет, все-таки профессия психиатра очень востребована. К тому же, когда читаешь у него такое: *«Сейчас евреи лезут из кожи вон, чтобы доказать свое родство с чеченцами».* Или «в *основе русского языка, как и всех других языков, лежит язык чеченский* ».

Осталось упомянуть некоторые комментарии, выставленные в сети к сочинению Ибрагимова читателями:

– Вражду между рускими и чеченами сеют не политики, а отдельные распальцованные представители чеченского народа.

– Официальная наука не признает ваши бредни, господин Ризван. Вы, конечно, можете здесь выдвигать разные гипотезы, только вот более-менее образованные люди только посмеются.

– Сейчас расплодились псевдоученые разных национальностей, утверждающие, что их нация самая-самая и богоизбранная, и предлагающие сладкую идею их национальной исключительности.

– Вы, уважаемый Ризван, занимаетесь передергиванием фактов и откровенными подтасовками. Очень бы хотелось послушать вашу дискуссию с господином Клёсовым. Думаю, он нашел бы что вам ответить. Может, напишете ему, а мы потом почитаем здесь ваши с ним споры.

Осталось добавить, что Ризван Ибрагимов ко мне не обратился. Пришлось написать здесь комментарии к его сочинениям мне самому.

Пример 7 . Немало безграмотных комментариев в сети в отношении моих работ по выявлению времени жизни общего предка евреев и арабов нескольких гаплогрупп (J1, J2, R1a). Типичные из таких *безграмотных:*

– «Он пытается привязать свои исследования к библейским текстам, что абсолютно недопустимо с точки зрения академической науки »

– «Он *якобы посчитал, что Авраам действительно вышел из Ура примерно 4 тысячи лет назад».*

На самом деле никакой привязки к библейским текстам у меня не было и нет. Поясняю, как проводилось исследование. Было взято большое количество гаплотипов евреев и арабов, пронумеровано и перемешано. Есть привязка к библейским текстам? Как видно, пока нет. Из этих гаплотипов было построено дерево гаплотипов с использованием профессиональной компьютерной программы PHYLIP, которая выстраивает гаплотипы по принципу родства, то есть максимально логичного перехода одних гаплотипов в другие путем единичных мутаций. Ясно, что если гаплотипы отличаются друг от друга на много мутаций, программа их рядом не разместит, а если всего на одну мутацию, причем наиболее вероятную с учетом скоростей мутаций, то разместит рядом. Эти программы давно отлажены на тысячах и тысячах серий гаплотипов, и дают надежные деревья, по сути ДНК-генеалогические деревья гаплотипов.

Оказалось, что арабские гаплотипы дают выраженные отдельные ветви на дереве, каждая ветвь – это фактически родственники более близкие, чем другие. Проще говоря – кланы. С гаплотипами евреев они не смешивались, общих ветвей не было. Еврейские гаплотипы, аналогично, образовывали ветви только с еврейскими гаплотипами, и не смешивались с арабскими. Печально, но понятно. Это резко отличается от того, как на другом дереве ведут себя, например, русские и украинские гаплотипы, они вообще на ветви практически не разделяются, сидят на дереве вперемешку. Вспомним – у нас масса

родственников украинцев и русских, все давно переженились без разделения и дискриминации на эти этносы.

В общем, ясно, что у евреев и арабов дружбы нет, почти нет смешанных браков, во всяком случае, статистически выраженных. Но на дереве была одна ветвь, самая старая (то есть в отличие от четко выраженных молодых, компактных ветвей, она было самая широкая и рыхлая), которая сходилась к одному общему предку, то есть вырастала из одного гаплотипа, который в данном контексте является предковым как для евреев, так и для арабов в данной выборке. Несложно было рассчитать время, когда жил этот общий предок, как объяснялось в предыдущих разделах этой книги, и оказалось, что он жил примерно 4000 лет назад. Более подробно это показано в этой книге при ответе на Вопрос 103.

Ну так как, в чем привязка к библейским текстам? Где здесь про «Авраама, выходящего из Ура»? Язык у «критиков» без костей, как я уже неоднократно здесь упоминал. Как я описывал в статье, опубликованной по этим данным, мы не знаем, как звали этого общего предка, поскольку гаплотипы имена не показывают. Но в Библии и Торе этого общего предка звали Авраам, и жил он, по многим толкованиям специалистов, примерно 4000 лет назад. После выхода статьи (на русском и английском языках) я получил много писем от евреев, включая раввинов и коэнов, которые восторгались тем, что впервые библейская генеалогия в отношении Авраама получила подтверждение объективным научным анализом. Иначе говоря, это не я привязывал данные к Библии, мои данные были независимыми, это, напротив, специалисты по толкованию Библии и Торы привязывали эти источники к моим данным в части общего предка еврев и арабов, что он действительно существовал и жил примерно 4000 лет назад.

Пример 8 . Множество совершенно безграмотных комментариев в сети насыщены сомнениями в том, что число накапливающихся в Y-хромосоме мутаций связаны простыми зависимостями с временем. Что характерно, комментаторы просто «сомневаются», но не приводят никаких свидетельств в пользу своих сомнений. Они, как водится, рассуждают «по понятиям», а не по науке. Одни «считают», что на константы скорости мутаций должна влиять естественная (или наведенная) радиация, другие – что должны (должны!) влиять разнообразные условия окружающей среды. Третьи – цитирую: *«На ДНК могут серьезно воздействовать движения духа народа, такие, как у нас в 1612 г., 1812 г., 1917 г., 1941–1945 г.г., то есть ответ людей на внешние события и образование новых качеств и условий, это должно формировать генетику больше, нежели простой отсчет часовой стрелки* ».

Эти, которые рассуждают «по понятиям», не уловили, что мутации в Y-хромосоме, которыми оперирует ДНК-генеалогия, не имеют к генам, и, как следствие, к «генетике», никакого отношения. Эти мутации происходят в негенных последовательностях Y-хромосомы ДНК. Далее, мутации в гаплотипах – это не просто поломки нуклеотидов, которые вызывает радиация, это – сложные перестройки в нуклеотидных последовательностях Y-хромосомы, изменение числа «тандемных повторов» в Y-хромосоме. Радиация и прочие любые условия окружающей среды к этому привести не могут. Эти перестройки – результат кординированных сбоев в копировальной машине ДНК. Иначе говоря, время от времени копировальная биологическая машина (в которую входит фермент ДНК-полимераза с массой сопряженных функций) копирует не исходный «тандем», состоящий из определенных блоков нуклеотидов, а добавляет к нему лишний блок, или, напротив, укорачивает его на блок. Это происходит в «тандемах» раз в тысячелетия, и радиация или прочие условия окружающей среды там совершено не причем. Например, в 111-маркерных гаплотипах такой сбой происходит раз в пять условных поколений, то есть раз в 125 лет. Но это в 111-маркерах гаплотипа, и где в следующий раз мутация произойдет – практически непредсказуемо, это – неупорядоченные события статистической природы. Соответственно, в расчете на маркер это происходит в среднем раз в (125 × 111 =) 13875 лет, но в одних маркерах это происходит быстрее, в других маркерах – медленнее.

Во всех гаплогруппах по всей планете эти скорости мутаций одинаковы, нет ни одного

экспериментального подтверждения, что эти скорости в разных гаплогруппах или в разные исторические эпохи могут различаться. Наконец, расчеты на разные глубины времени, вплоть до миллионов лет назад, показывают, что скорости мутаций в гаплотипах остаются теми же.

Пример 9 . Популярная тема среди «безграмотных» – заявления такого рода – *«Забавно. Никаких ваших следов в ДНК не останется уже к 14-му поколению… Похоже, наука в России разрушается. Авторы хотя бы учебник по молекулярной биологии открывали?»* (комментарий некоего bearcult). Судя по ссылке на учебник, автор может быть биологом, но биологом намного ниже среднего. Подобные комментаторы не знают или не понимают, что в ДНК остаются снипы, то есть необратимые изменения нуклеотидов, которые практически навсегда унаследуются. Автор комментария, видимо, имеет в виду процессы рекомбинации в ДНК, при которых перетасовываются блоки нуклеотидов, но снипы остаются. ДНК-генеалогия вообще не изучает рекомбинантные участки ДНК, поскольку в основном занимается Y-хромосомой. В последние годы сформировалось новое направление генетики, которое занимается сопоставлением геномов наших современников и ископаемых ДНК, и получает огромное количество информации для изучения развития человечества на протяжении тысячелетий, его древних миграций. Другое дело, что интерпретации и выводы у них часто оказываются ошибочными, потому что массированный анализ данных производится компьютерами, при множестве допущений и приближений, но со временем это выправится. Наука так обычно и развивается, путем проб и ошибок. Важно только, чтобы обсуждение этих проб и ошибок было открытым и конструктивным.

Пример 10 . Занятным и показательным представляется «разбор» методов ДНК-генеалогии неким Виктором Теном, чему он посвятил многостраничный труд. Это – типичный подход «по понятиям», в котором незнание тематики подменяется «логикой», то есть приемом в такой ситуации совершенно порочным. Открытия, и даже просто новые разработки не выводятся из логики, они часто совершаются интуитивно, и затем внимательно рассматриваются автором открытия или разработки, и таким путем углубляются и совершенствуются. Или закрываются, если внимательное рассмотрение выявило ошибки в новой концепции.

Виктор Тен, к сожалению, показывает непонимание даже базовых представлений о развитии науки. Наука всегда развивается через ошибки и переоценки, пересматривание своих более ранних представлений. Нет ни одного ученого, который всегда бы формулировал только безошибочные новые положения. Они всегда рождаются в муках, в переоценках, в критическом пересматривании прежних формулировок. Талант ученого – не в его безошибочности, такого не бывает, а в его способности выявлять свои и чужие ошибки, там, где другие не замечают, и формулировать новые положения, в которых эти ошибки уже учтены, и которые являются новым шагом вперед. Мера таланта – в том, насколько крупный шаг вперед при этом делается. Особый талант – совершать в науке прорыв, переход на следующий этаж научного познания, который вскоре начинает заполняться учеными менее талантливыми, но восприимчивыми к распознанию нового знания. Неталантливые и невосприимчивые устраивают, как правило, обструкцию, на новый этаж знания или демонстративно не переходят, в итоге, по истечении лет вымирают, и тем самым освобождают дорогу новому поколению, которые воспринимают новый этаж познания как само собой разумеющееся. Правда, многие неталантливые вскоре тоже поднимаются на новый этаж, но при этом делают вид, что всегда там были.

Возвращаемся к Виктору Тену, который, видимо, не понимает, что путь науки идет через ошибки, природа которых самая разнообразная. Он цитирует два моих тезиса, которых разделяют три года. В первом я соглашался с гипотезой об африканском происхождении человека, повторяя широко распространенные тогда (да и сейчас) взгляды, что гаплогруппы современного человечества произошли от африканской гаплогруппы A (книга А. Клёсова и

А. Тюняева «Происхождение человека», 2010), во втором отмечал – «От африканцев мы не происходим. Из Африки наши предки, судя по всему, не выходили» (Клёсов, «Происхождение славян», 2013). В. Тен истолковывает это так, что раз ДНК-генеалогия утверждала одно, а через три года утверждает обратное, то это наука плохая.

На самом деле вывод этот, мягко говоря, не очень умный. Ситуация довольно типичная. В те времена, когда я писал ту книгу, я был под впечатлением, что «выход анатомически современного человека из Африки» действительно доказан. Сам я этим вопросом тогда не занимался, но знал, что им занимались большие силы, цвет популяционной генетики и антропологии. А потом взглянул повнимательнее, и обнаружил, что гаплогруппы современного человечества от B до T не могли произойти от гаплогруппы A, они ей параллельны. Другими словами, у гаплогрупп в ряду BT и A – один общий предок, BT и A расходятся от него как двузубая вилка расходится от рукоятки вилки. И этот общий предок жил примерно 160 тысяч лет назад. Далее, оказалось, что доказательств того, что гаплогруппа A обитала в древности в Африке – тоже нет. Все это из рубрики «он говорит, она говорит». Оказалось, что живущие сейчас в Африке носители гаплогруппы A имеют общих предков по каждой популяции (или субкладу) не более 5–9 тысяч лет назад, а ископаемые кости в Африке никто на ДНК не проверял. Далее, ряд носителей гаплогруппы A живут в Европе – в Англии, Ирландии, Шотландии, Финляндии, Швейцарии, Италии, России, и все европеоиды, светлокожие. Понятно, что можно придумывать разные объяснения, но если почитать сторонников «выхода из Африки» – никто об этом даже не упоминает. Никто не упоминает, что гаплогруппа B отстоит настолько далеко от гаплогрупп класса A (а именно, для разных групп A до B расстояние от 270 до 450 тысяч лет), что гаплогруппе B произойти от A просто невозможно, особенно учитывая, что попгенетики дают для этого от 50 до 70 тысяч лет максимум. Но это не удивительно, что не упоминают – потому что не знают, как считать, методами расчетов ДНК-генеалогии они не владеют. Подробнее об этом – в этой книге, в ответах на вопросы 87 и 88.

В итоге в 2012 году мы (в соавторстве с И.Л. Рожанским) написали статью в журнал Advances in Anthropology под названием «Пересмотр теории «выхода из Африки» и происхождение европеоидов в свете данных ДНК-генеалогии», и в 2014 г. там же вышла моя статья «Пересмотр концепции «из Африки» как не имеющей достаточных доказательств». Там подробно проанализированы практически все «свидетельства» «выхода из Африки», и оказалось, что это вовсе не свидетельства, там сплошные натяжки и подтасовывания. Я не говорю о том, что все они умышленные, просто авторы во всех работах исходили из того, что «выход из Африки» уже доказан, и своей задачей видели просто усиление этих «доказательств». Другие объяснения не рассматривались.

Вопрос риторический – так что здесь делает ДНК-генеалогию «плохой наукой»? То, что она раньше других показала, что «выхода из Африки» не было? Или, во всяком случае, что он совершенно не доказан?

Уже видно, на каком шатком фундаменте В. Тен строит свою «критику». Но продолжим ее расмотрение, это поучительно посмотреть, как люди ограниченные «рассуждают» о непригодности той или иной области науки. Вообще Тен принадлежит к профессиональным «критикам» на грани истерии – что стоит его обращение к трудам академика Б.А. Рыбакова – «Я их приведу, эти жалкие потуги академика», или «хорош же наш патриот-академик», «Вот итог жалких потуг академика нашего».

Но вернемся к сочинению Тена по ДНК-генеалогии. Для начала он взялся за обсуждение констант скоростей мутаций:

Что же это на новый метод? Кинетику мутаций пытались рассчитать и до А.Клесова. Известна «таблица Чандлера», где на основе анализа тысяч гаплотипов выявлена средняя частота мутаций. Для 37-маркерных гаплотипов, например, это примерно 0,18 мутаций на одно поколение. Но это при условии, которое в физике называют «идеальный газ». Идеальных газов не бывает. Не бывает идеальных мутаций. Происходит сцепка локусов, которая ставит под сомнение чистоту мутаций и, соответственно,

расчетов.

Здесь – гроздь непонимания и того, что называется «ломиться в открытую дверь». Разумеется, не я первый ввел в литературу понятие «скорости мутаций в ДНК», и не я первый эти скорости попытался определить. Я могу насчитать по меньшей мере дюжину подобных оценок, некоторые оформлены в виде таблиц, как у Джона Чандлера. Проблема в том, что «анализ тысяч гаплотипов» мало что дает, что Тен, похоже, не понимает. Это примерно как попытаться определить частоту автомобильных столкновений чохом по всем городам и деревням. Ясно, что в крупных городах столкновений больше, в глухих деревнях их мало, если вобще есть. Какой смысл считать «среднюю частоту столкновений»? Так и в сериях гаплотипов. Они практически всегда подразделяются на ветви, причем одни ветви более старые, другие более молодые. Естественно, в старых ветвях накапливается больше мутаций, чем в молодых. Далее, есть целые серии мутаций унаследованных, которые не подчиняются законам статистики. Например, есть маркеры, мутация которых происходит крайне редко, раз в десятки, а то и в сотни тысяч лет. Например, в первом маркере DYS393, с константой скорости мутации 0.00059 мутаций на условное поколение (в 25 лет), одна мутация происходит в среднем раз в 1/0.00059 = 1695 поколений, то есть примерно раз в 42 тысячи лет. Можно сказать и по-другому – мутация этого маркера происходит в среднем один раз на 1695 рождений мальчиков. Так что эта мутация не такая уж фантастическая, в роддомах крупных городов она случается. Но когда случается, она тысячелетиями унаследуется, поскольку произойти второй раз подряд в одной генеалогической линии – событие крайне маловероятное. Поэтому если на протяжении веков и тысячелетий мужская линия не прерывалась, то в ней накапливались десятки таких мутаций, вовсе не статистическим путем. Иначе говоря, доля таких мутаций в больших сериях гаплотипов оказывается завышенной, и потому завышенной оказывается кажущаяся скорость мутаций. Вот у Чандлера и получилась – 0.18 мутаций а одно поколение. На самом деле там в два раза меньше – 0.09 мутаций на поколение. То есть при использовании скоростей Чандлера датировки окажутся завышенными в два раза. А дальше 37-маркерных гаплотипов он и не прошел, сейчас же основными для расчетов считаются 67– и 111-маркерные гаплотипы. К ним таблицы Чандлера не применимы.

Да таблицы Чандлера вообще практически никто не применяет, хотя они были опубликованы еще в 2006 году. Не применял их и сам Чандлер, нет у него таких публикаций. И понятно, почему не применял – они внутренне противоречивы, и расчет хронологии по 12-маркерным гаплотипам дает одни результаты, по 25-маркерным – другие, а по 37-маркерным – третьи. И дело не в статистическом разбросе, а в систематических отклонениях одних панелей гаплотипов от других. Далее, «поколение» у Чандлера никак не определено, поколение, и всё тут. Может, 18 лет, может, 25, может, 30, может, 35 лет. А расчеты, особенно в исторических науках, в поколениях не проводят. Вот и имеем потенциальную погрешность еще в два раза, не считая погрешности в скоростях мутаций. Ситуация тупиковая, иначе зачем кто бы стал другие скорости мутаций вычислять?

Вопрос – если данные Чандлера никто и никогда не применял, в том числе и сам Чандлер, то откуда о них узнал В. Тен? Да ясно откуда, из моей книги (Происхождение человека, 2010), там таблица Чандлера воспроизведена на стр. 231, в том числе и та величина 0.18 мутаций на поколение на 37-маркерный гаплотип, у самого Чандлера этого нет, Тен у меня просто списал. И с поучающим видом пишет «известна таблица Чандлера», не давая на меня ссылку. Понятно, как Тен пишет свои творения? Методом заимствования. Плагиат.

И «идеальный газ», про который фантазирует Тен, здесь не при чем. Дело не в идеальных условиях, их в экспериментальных естественных науках вообще почти не бывает. Просто надо понимать, что нужно принимать во внимание и какие поправки вводить. Температура кипения воды на высоте, в горах, например, ниже, чем в долине, но никто на «идеальный газ» не жалуется. Надо просто знать, к чему это приводит на практике. Чандлер не очень знал, но ему простительно, 2006 год – это «каменный век» науки по расчетам мутаций в ДНК. Но Тен, как обычно, в своем незнании перебирает, прочитал у меня про

«сцепленные локусы», и тут же ввернул. На самом деле это сейчас называется «мультимаркерные локусы», это явление давно понято и с легкостью учитывается. Таких семь локусов в 67-маркерной панели, где мутации в определенных случаях проходят «поперек» всего локуса из двух или четырех маркеров, и они особой проблемы не представляют. В калькуляторе Килина-Клёсова этот эффект автоматически учитывается компьютерной программой. Никакого *«ставит под сомнение чистоту мутаций и, соответственно, расчетов»* там нет. У страха глаза Тена велики.

Другую скорость мутаций предложил Л.А. Животовский, еще в 2004 году. Она, к сожалению, была совершенно нереалистичной. Для нее проводилось умозрительное усреднение всех мутаций во всех гаплотипах за все время существования человечества, путем решения определенной математической задачи. Получилась скорость мутации, равная 0.00069 на маркер на поколение в 25 лет. Сравните – для скорости Чандлера 0.18 мутаций на поколение для 37-маркерных гаплотипов скорость мутаций в расчете на один маркер равна 0.18/37 = 0.0049 на поколение, в 7 раз выше. Видите проблему? Иначе говоря, расчет по Животовскому даст в семь раз более высокую датировку, чем расчет по Чандлеру. Но популяционные генетики приняли как «официальную» скорость по Животовскому, назвав ее «популяционной скоростью мутаций». И с 2004 года начались черные времена в популяционной генетике, где во всех академических статьях датировки оказались завышенными на 300–350 %, потому что датировка Чандлера сама давала занижения в два раза. Видите проблему?

В. Тен приводит цитату из нашей с А.Тюняевым книги за 2010 год: *«Это фактически парализовало работу по использованию мутаций в гаплотипах для проведения временных оценок в масштабах исторических событий. Дискуссии, какие скорости мутаций использовать и как их адаптировать к расчетам в режимах реального времени продолжаются до сих пор, и проблема казалась нерешаемой. Для «академических ученых» проблема до сих пор не решена. Нет даже минимального консенсуса»* (стр.233)». Эта цитата справедлива и до сих пор, через шесть лет после написания. Попгенетики так и не пришли к консенсусу, и до начала этого года продолжали упрямо применять «скорости Животовского», хотя давно стало ясно, что это дает принципиально неверные результаты. Но это попгенетикам не было важно, главное – это «официально», и статьи принимают в журналы, потому что рецензенты-попенетики тоже натасканы на «скорости Животовского».

Похоже, выход из ситуации представит новый метод расчета датировок общих предков по снипам, то есть необратимым мутациям другой природы. Там, правда, другая проблема, по которой консенсус среди попгенетиков тоже не ожидается – сколько лет положить на снип-мутацию. Одни считают 90 лет, другие 120 лет, третьи 140 лет, 150 лет, 160 лет. И уже публикуют этот разнобой, статьи попгенетиков на этот счет начали выходить в 2015 году. И уже опять начинается чехарда, в которой, естественно, опять возникли Балановские, которых ничего не учит. В 2010 году они с соавторами опубликовали статью, в которой использовали, естественно, «скорость Животовского» (потому что «официально»), и получили для возраста субклада R1a-M458 10 тысяч лет с лишним. Как будет рассказано ниже, за эту датировку (уже в 20142015 году) ухватился Л.С. Клейн, хотя я его лично предостерегал, что это делать не надо, и писал ему о порочности «метода Животовского». Он не послушал, взял за основу своих рассуждений те самые 10 тысяч лет для славянских (ныне) гаплотипов Польши, Белоруссии, Украины, России, и пришел к выводу, что они славянскими быть никак не могут по причине глубокой древности. Но в 2015 году Балановские с соавторами дали задний ход, пересчитали старые датировки по снип-мутациям, но, как водится, совершенно произвольно и без оснований приписали им неверную калибровку, и получили, что те же R1a-M458 имеют датировку уже 3000 лет назад. Хорошее понижение от 10 с лишним тысяч лет, причем в статье – никаких объяснений. Не будут же они признаваться, что 10 лет считали неправильно и публиковали мусор, не так ли? Решили тихо замести под ковер. Правда, Клейна подставили с его «неславянскими интерпретациями» неверных датировок, пришлось ему оправдываться по типу «невиноватая я, это он всё они».

Так что не знает Тен ровным счетом ничего про мутации в гаплотипах, занимается откровенным плагиатом, и пытается замечания делать, что у меня там «ставит под сомнение», используя мои же описания.

Если в первой части своего «критического» опуса Тен просто занимается плагиатом, то дальше начинается откровенная ахинея. Пропустим то, что «специалисты его метод по большей части не признают». Эти «специалисты» до 2015 года вообще никакой метод расчетов не признавали, кроме описанной здесь «популяционной скорости», от которой сейчас втихую отказываются. Потому и таблицу Чандлера не применяли и не признавали, и вообще никакой другой метод. Более того, рецензенты никакой другой метод расчета и не пропускали для публикаций в журналах, там была занята круговая оборона. На самом деле есть и другая причина – расчетов на основании констант скоростей мутаций в литературе почти нет, за исключением единичных, и в тех применялись «скорости Животовского». Кто в такой ситуации что признавать или не признавать будет? Тен и этого не знает, пишет опять «по понятиям», своим, естественно.

Далее Тен списывает у меня из книги (стр. 233) фразу, что к скоростям мутаций гаплотипов были применены принципы математической статистики, но у меня далее разъясняется, что под этим подразумевается – анализ графических деревьев гаплотипов, количественный учет симметрии мутаций, количественный учет возвратных мутаций, количественный расчет доверительных интервалов, и так далее. Матстатистика – это не метод в данном контексте, это способ корректного представления данных. Тен этого, видимо, не понял (он себя представляет то врачом, то археологом), и начинает нести: *«что касается «математической статистики», то она оказалась… ботаническим статистическим методом Вавилова, на которого авторы рецензируемых книг не ссылаются. Н.Вавилов в 20-е годы прошлого века предложил метод определения прародины культурных видов растений по максимальному разнообразию дикорастущих форм».* Ну не ахинея? Статистика есть статистика, она где угодно применяется, в любой отрасли промышленности и в любой области науки, где есть количественная обработка данных.

И далее тот же стиль проолжается – *«А.Клесов совершенно некритично (т. е. без обоснования прав на такой перенос методологии из ботаники в антропологию) применил палеоботанический метод к людям. Конкретно: «родиной» гаплогруппы объявляется тот регион мира, где выявлено максимальное количество мутаций».* Откуда Тен это взял? Нигде у меня, в моих работах этого нет. Напротив, я это часто критикую, это обычно «стиль» популяционных генетиков. Максимальное количество мутаций может быть в месте зарождения гаплогруппы, но может и не быть, если популяция передвинулась на новое место. Максимальное количество мутаций, точнее, «генетическое разнообразие», как выражаются попгенетики, вообще может быть использовано как критерий только в замкнутых системах. Нью-Йорк в этом отношении может быть самым «генетически разнообразным» городом мира, но вряд ли Нью-Йорк – прародина человечества. Как и самая «генетически разнообразная» Москва – прародина России. Однако, ни Нью-Йорк, ни Москва – не замкнутые системы. Но попгенетики именно этот критерий, «генетической разнообразности», применяют направо и налево, без должного осмысления. Так что Тен и здесь написал ерунду, не понимая, что пишет.

«Анализ по Y-хромосоме выявил множественные мутации первичной гаплогруппы A, а разброс мутаций дает великую древность по ботаническому методу Вавилова», пишет Тен, и опять ерунду. Нет никакого разброса мутаций в гаплогруппе А, там как раз мутаций мало, и общий предок современных носителей гаплогрупп класса А жил недавно. Этот вопрос был разобран в моей недавней статье «Миф о древних ДНК-генеалогических линиях африканцев»[184], и в ответе на Вопрос 87 выше в этой книге.

[184] http://pereformat.ru/2015/09/africa-dna-vol1/

Ну и где, позволительно спросить, «великая древность» ДНК-линий в Африке? Это – миф, ничем не обоснованный. Ископаемых ДНК-нет, древних линий, как мы видим, нет, к тому же в Африке вовсе не гаплотипы группы А являются доминирующими. Это тоже рассмотрено в ответе на вопрос 87. Откуда же появился этот миф о «древности африканских линий»? Датировок ведь их до последнего времени не было, а какие были – брались «с потолка». Ни одна из этих датировок не «укоренена» территориально, то есть мы не знаем, на какой территории, на каком континенте образовалась та или иная гаплогруппа.

Для того, чтобы определить, или хотя бы приблизиться к месту возникновения определенной гаплогруппы (или субклада) нужно действительно определять гаплотипы данной гаплогруппы и считать в них мутации, на этом и основан метод определения времен, когда жил общий предок. Но это будет общий предок для данной (взятой, использованной) серии гаплотипов. Например, общий предок гаплогруппы R1a для этнических русских жил примерно 4600±500 лет назад. Но это этнических русских, а не всей гаплогруппы R1a. Общий предок европейских гаплотипов R1a жил примерно 8 тысяч лет назад, и это уже не территория РФ. Это – территория между Британскими островами и Балканами, более точно не определяется, эти древние гаплотипы, точнее, гаплотипы от самого древнего европейского носителя гаплогруппы R1a, разбросаны по Европе, но по ряду признаков «прародиной» R1a в Европе окажутся Балканы. Ситуацию с поиском «прародины», или древнейшего транзитного пункта носителей R1a в Европе осложняет то, что недавно в Карелии обнаружена ископаемая ДНК с характерной мутацией гаплогруппы R1a и с датировкой 7000–7500 лет назад. Но это единичная находка, и ее нужно проверять. Не исключено, что там ошибка или с датировкой, или с отнесением к гаплогруппе R1a. Но в любом случае это не самая древняя датировка гаплогруппы R1a. В северном Китае разброс мутаций гаплогруппы R1a дает ее возраст 21 тысячу лет. Определение возраста гаплогруппы R1a по снипам (компания YFull) показывает 22100 лет, с коридором погрешности между 19900 и 24300 лет назад. Вот это уже показывает, где наиболее вероятное место образования гаплогруппы R1a, а именно в Южной Сибири, Алтайский регион.

«Вот так просто определяется прародина русских» – изрекает Тен. Да не русских, stupid, а гаплогруппы R1a. Гаплогруппа R1a вовсе не русская, она в той же мере и польская, и литовская, и украинская, и белорусская, и немецкая, и шотландская, и уйгурская, и китайская, и иранская, и индийская, и любая другая. Ее много у этнических русских, до 67 % по областям, по деревням и до 100 %. Например, в нашей фамильной деревне Клёсово Курской области все мужчины – гаплогруппы R1a, потому что она с 1639 года фамильная, и жили в ней только Клёсовы, но это не означает, что гаплогруппа R1a принадлежит Клёсовым. Или что гаплогруппа R1a образовалась в деревне Клёсово.

Если кому угодно называть метод определения датировок по картине расхождения мутаций «ботаническим методом Вавилова», то пусть бы дитя не тешилось. Только тогда и то, что ржавая железяка представляется более древней, чем нетронутая ржавчиной – это тоже «ботанический метод Вавилова». Как и любое более старое на вид, чем более молодое – это тоже «ботанический метод Вавилова». Старые горы, полуразрушенные, по сравнению с молодыми, это тоже «ботанический метод Вавилова». До чего не доведет глупость В. Тена. Дело ведь не в том, как назвать то или другое явление, а что его изучение дает для продвижения нашего знания.

Тен иронизирует – *«нечто определяется через самое себя. «Древнейшие гаплотипы» – это те, которые дают наибольший разброс по мутациям. Гаплотипы, дающие наибольший разброс по мутациям, суть древнейшие. Это жонглирование понятиями, а не прояснение сути дела».* Здесь он просто запутался. «Древнейшие гаплотипы» – это жаргон. Гаплотипы все современные, если они не ископаемые. Просто одни унаследованы от древних общих предков, а другие – от относительно недавних общих предков. Первые в списке гаплотипов содержат большое количество мутаций, вторые – почти все одинаковые, в них мутаций мало. Поэтому – да, если в серии гаплотипов много мутаций, они унаследованы от древнего общего предка. А серия гаплотипов от древнего общего предка имеет относительно много

мутаций. Какое же здесь «жонглирование понятиями»? Совсем Тен запутался. Вот до чего доводит неуемное желание «критиковать» при полном отсутствии знаний по предмету «критики». Смех один.

Продолжу ликбез, раз об этом зашел разговор. Время до того общего предка рассчитывается как отношение числа мутаций на гаплотип к константе скорости мутации. Например, если в серии из сотни 67-маркерных гаплотипов обнаруживается 2000 мутаций, и показано, что все они происходят от одного общего предка (есть такие критерии в ДНК-генеалогии), то их общий предок жил 2000/100/0.12 = 167 → 196 условных поколений, то есть 4900±500 лет назад. Здесь 0.12 – это константа скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов, стрелка показывает поправку на возвратные мутации, погрешность определена обычными методами математической статистики, но вряд ли Вавилов это тоже изобрел. Кстати, поправка определяется так – среднее число мутаций на маркер равно 2000/100/67 = 0.2985, и поправка равна (1 + e0,2985)/2 = (1 + 1.3478)/2 = 1.1739 (без округления). Поэтому при вычисляемом (наблюдаемом) числе условных поколений 167, откорректированное число поколений равно 167 × 1.1739 = 196, при 25 годах на поколение. 25 лет – это математическая величина, связанная с константой скорости мутаций 0.12 одним отношением, 25/0.12 = 208.33. Если по каким-то причинам (признаться, непонятным) есть желание сделать условное поколение равным именно 30 лет, то константа скорости мутации подстроится и станет равной 30/208.33 = 0.144 мутаций на гаплотип на условное поколение. Но конечный результат останется тем же, 2000/100/0.144 = 139 → 163.2 условных поколений по 30 лет, то есть те же самые 4900±500 лет назад. Поэтому и непонятно, зачем менять величину условного поколения, это же не «бытовое» поколение, а математическая величина.

На этом можно было бы остановиться, но Тен впадает и дальше в типичные заблуждения дилетантов. Для образовательных целей их стоит рассмотреть, не он один такой. Может, кто другой прочитает, и воздержится от глупой «критики». Вообще феномен интересен. Тен должен понимать, что я специалист в ДНК-генеалогии, и вообще специалист в физической химии и химической кинетике, доктор наук и все прочее. Но у него, как и у людей с подобной ментальностью, нет тормозов, которые заставили бы его остановиться и подумать, типа *«а может я ошибаюсь? Он ведь специалист, работает с тысячами гаплотипов и сотнями выборок, публикует статьи и книги, он должен знать больше меня, иметь больший опыт».* Но, увы, структура мозга у Тена такая, что мозг ему это не подсказывает. И он, ничтоже сумняшеся, несет одну ерунду за другой. Прямо болезнь какая-то у него. Ментальная. Так, он пишет: *«Единственный метод, которого придерживается А.Клесов – статистический: берешь из международной базы данных много народу разных людей и смотришь разброс по мутациям. Где их больше, там, дескать, – древнейшие гаплотипы».* Пишет бессмыслицу. Эти «много народу разных людей» относятся к разным гаплогруппам, субкладам, ветвям. Ясно, что у них всегда будет разброс по мутациям, ведущий к общим предкам разных гаплогрупп десятки тысяч лет назад. Только это обычно никого не интересует. Это все равно, что описывать работу археолога как «бери лопату да копай, что-нибудь всегда найдешь, чем глубже, тем древнее». Вот такая ментальность у Тена.

На самом деле для того, чтобы ответить на конкретный поставленный вопрос, например, определить датировку общего предка субклада L657 гаплогруппы R1a-Z93 (кстати, они составляют основной контингент гаплогруппы R1a в Индии), надо не «брать много народу разных людей», а именно серию гаплотипов субклада L657 гаплогруппы R1a-Z93. Далее, надо убедиться, что они действительно происходят от одного общего предка. Для этого есть два основных, но независимых критерия. Один – построить дерево гаплотипов и убедиться в том, что выбранная серия гаплотипов образует одну однородную ветвь. Второй – убедиться, что расчеты разными методами приводят к одной и той же величине датировки. Например, в выбранной серии из сотни 25-маркерных гаплотипов имеется 640 мутаций от базового гаплотипа, то есть минимизированного по мутациям. Это дает (расчет по так называемому **линейному методу**) 640/100/0.046 = 139 → 159 условных

поколений, то есть 3975±430 лет до общего предка. Эта величина имеет ограниченную ценность, потому что серия может оказаться неоднородной (обычно это сразу же видно на дереве гаплотипов), например, в ней половина гаплотипов окажется от недавнего общего предка, который жил, скажем, 1000 лет назад. Тогда полученная величина является «фантомной», поскольку гаплотипы в серии происходят от двух разных общих предков, суперпозиция расстояний до которых дает примерно 3975 лет. Но это можно проверить. Определяем, сколько одинаковых гаплотипов имеются среди данной выборки из 100 гаплотипов в 12-маркерном формате. Если их примерно 6, то выборка однородная, и полученная датировка правильная. Как мы это узнали, что их должно быть 6? Для этого есть так называемый **логарифмический метод** датировки временного расстояния до общего предка. В данном случае записываем [ln(100/6)]/0.02 = 141 условных поколений (без поправки на возвратные мутации), то есть примерно то же самое, что и по линейному методу (0.02 – константа скорости мутации для 12-маркерных гаплотипов). Итак, линейный и логарифмический методы привели к практически одинаковой датировке, значит, серия гаплотипов однородная и происходит от одного общего предка. Но если бы среди сотни гаплотипов одинаковыми были бы, скажем, двадцать, то это означало бы, что серия гаплотипов неоднородная, поскольку линейный и логарифмический методы дали разные датировки: [ln(100/20)]/0.02 = 80 условных поколений до общего предка, в то время как линейный дал 139 условных поколений.

Для больших серий гаплотипов можно продвинуться и дальше, чем 12-маркерная панель гаплотипов. Например, в серии из 3466 гаплотипов гаплогруппы R1b-L21 в 111-маркерном формате общее число мутаций было равно 92120, что дает 92120/3466/0.198 = 134 → 152 условных поколений, или 3800±380 лет до общего предка. Вся серия содержала 249 одинаковых (базовых) 12-маркерых и 12 одинаковых 25-маркерных гаплотипов.

Это дает [ln(3466/249)]/0.02 = 132 → 150 условных поколений, или 3750±440 лет до общего предка и [ln(3466/12)]/0.046 = 123 → 140 условных поколений, или примерно 3500 лет до общего предка. Как видно, все три датировки близки друг к другу и находятся в пределах погрешностей расчета, значит, датировки приемлемы.

В. Тен, разумеется, не имеет об этом никакого представления, поэтому его примитивная и неквалифицированная «критика» не имеет ни малейшей ценности. Ценность, пожалуй, только в том, что она выставляет его самого в крайне глупом виде.

Дальнейшая «критика» у Тена на таком же уровне. Представления его примитивны, неквалифицированы, страсть «критиковать» подавляет здравый смысл, да его там у Тена и нет. Буквально все вопросы, которые он затрагивает, непременно в «критическом» виде, давно проанализированы в научной печати, или просто очевидны любому здравомыслящему человеку, но «Тен не читатель, Тен писатель». Он рассуждает о «репрезентативности» выборок, но опять «по понятиям», хотя это давно проанализировано и описано в моих публикациях, например, в академическом журнале «Биохимия» (Москва, 2011), в книгах (например, «Арийские народы на просторах Евразии», М., 2015, стр. 36), проиллюстрировано в ответе на вопрос 40 в этой книге. Он недоумевает, что *«почему-то совершенно отсутствует база данных по США, где наибольший процент богатых людей и наиболее развита ДНК-генеалогия».* И этого следует, что он просто никогда не заглядывал в базы данных, там масса данных по США. Например, подавляюще большинство гаплотипов евреев – это именно из США, как, впрочем, и остальных гаплотипов. Просто в базах данных обычно указывают место жительства наиболее удаленных предков, а это, как правило, не США. У меня, например, указан Курск, хотя я уже более четверти века живу в США. Тен опять рассуждает «по понятиям», ему «по логике» представляется, что люди должны указывать своих предков «в США». А люди поступают по принятым правилам, а не по «логике» Тена, впечатляющей своей примитивностью. Он договаривается до следующего – *«Знаете почему? Потому что в США практически по всем гаплогруппам такой «разброс мутаций», что прародина всех и вся могла быть только там».* Читаешь такое, и думаешь – а нормальный ли он? В смысле, психически?

Категория 2
«Критика» злонамеренная и поиски «компромата»

Пример 1 . Некий анонимный «критик» посвятил несколько страниц тому, что я якобы не работал в Гарвардском университете, не был там профессором, и что его поиск не выявил обо мне никаких следов в Гарварде. Правда, с тех пор энтузиасты, которых я уже перечислял выше – Балановские, Боринская, Касьян, Клейн – уже направили запрос в Гарвардский университет, и получили ответ, что я работал там профессором в течение многих лет, и выставили этот ответ на «моей» страничке в Википедии. Против запросов я ничего не имею, если это кому-то так нужно, как не имею и против выставления результатов запроса, раз это кому-то так важно и интересно. Только какая цена тем страницам, на которых описан тот в высшей степени неквалифицированный «поиск», который автор почему-то посчитал «компроматом»? Нужно было просто знать, где искать. Например, вводится в Google моя фамилия и слово Harvard, появляется указатель, что эта комбинация встречается 6200 раз, и там есть серия моих статей, на которых указано – «Center for Biochemical and Biophysical Sciences and Medicine, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts, USA». Что особенно искать-то?

Если же интересует моя должность профессора, то в Гарвадском университете я был именно профессором. Я бы не стал уделять этому особенное внимание, но у группы «расследователей», расширенный список которых включает имена Боринская, Касьян, Кирпичев, Клейн, Губарев, Лебедев, Балановская, Балановский, к этому просто болезненный интерес. Если кому это действительно интересно, то выше приведена, например, копия письма директора Центра Биохимии, биофизики и медицины Берта Л. Вэлли в Офис международных отношений Гарвардского университета. В ней, как во всех подобных документах, меня многократно именуют профессором, поскольку это была моя должность. В США вариантов профессоров много, например, тот же Вэлли в приведенном письме именуется Edgar M. Bronfman Distinguished Senior Professor, но в любом письме к нему будут обращаться Professor, и никто в здравом уме не будет писать полную титулатуру. Есть пожизненное звание профессора, но в письмах и в обычной жизни носитель такого звания все равно Professor, и никто не будет обращаться к нему «господин пожизненный профессор». Похоже у тех, с болезненным интересом, поименованных выше, крайне низкая самооценка, и они страстно стараются «понизить» тех, кого считают выше себя.

Но что характерно, на тот «компромат» анонимного автора в сети, который оказался не только неквалифицированным, то и ложным, тут же клюнула та же Боринская, сотрудник Института генетики РАН, которая и ранее проявляла ко мне болезненный интерес. Она тот же обратилась к анониму со следующим запросом – «*Пожалуйста, напишите мне в фейсбуке. Мы хотим сделать заметку об этом всем в журнале комиссии по лженауке РАН».* Занятно, не так ли? Здесь Боринская и доносчица и клеветница, как говорят в народе, «в одном флаконе». Да если бы кто и не работал в Гарварде, а написал, что работал там, то есть солгал, то причем здесь «лженаука»? Откуда такая страсть к доносительству, причем с ложными показаниями? А мы все гадаем, кто же были те люди, которые в 1937-м доносы строчили? Да вот они, среди нас, та же Боринская.

Пример 2 . Пример мелкий, но характерный для стиля «критиков». Знакомьтесь, С.В. Дробышевский, доцент кафедры антропологии биологического факультета МГУ. Про меня пишет – «снялся в фильме сатирика Михаила Задорнова «Рюрик. Потерянная быль». На самом деле М.Н. Задорнов в этом фильме выступает отнюдь не как сатирик. Можно было бы написать, и это было бы более правильно в данном контексте – «снялся в фильме Михаила Задорнова, члена Союза писателей России». Но разве Дробышевский так напишет? Так и «компромат» потеряется, а Дробышевскому это не надо. Надо ведь меленько, подленько, в этом весь смысл. Мешает ДНК-генеалогия, надо хоть как-то передернуть, но у каждого свой

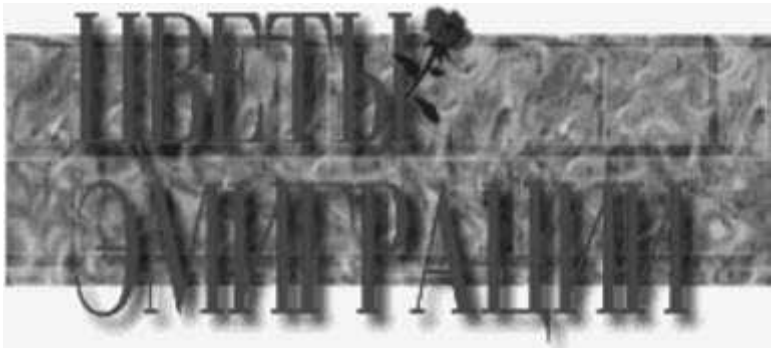
масштаб.

Пример 3 . Приведем слова «журналиста» В. Лебедева. Его даже и упоминать несерьезно, к науке Лебедев отношения вообще не имеет, как и ученого звания. О ДНК-генеалогии не имеет понятия, но очень хочет «компрометировать». Поскольку Лебедев – откровенный норманнист, к тому же патологический лжец (эти два понятия обычно родственные), то его место в нашей классификации (см. выше) очевидно, как и мотивы. Так вот, Лебедев написал, что расчетные методы ДНК-генеалогии взяты из *«методички, рассылаемой проектом Genographic».* Это настолько нелепо, что высказывание представляет только коллекционный интерес. Упомянутый проект вообще не занимается расчетами по мутациями в гаплотипах, он носит чисто описательный характер и создает свой банк данных. Дело хорошее и нужное, но «методичка» у него только о том, как собирать образцы ДНК путем соскоба с внутренней стороны щеки. Высказывания Лебедева о ДНК-генеалогии вообще дикие, не имеющие ничего общего с реальностью. Их даже цитировать бессмысленно.

Поскольку в этой книге я даю портреты наиболее ярых противников ДНК-генеалогии, воспользуюсь случаем, и приведу послание ко мне российского деятеля, который известен в стране буквально всем. Полагаю, что это письмо с сопровождением покажет, как себя описывает Лебедев. Сразу скажу, что в этой «автобиографии» нет ни слова правды. Лебедев никогда не был ни профессором, ни академиком, у него нет вообще никакой ученой степени, не было у него и описываемых деда и бабки, потому что он был усыновлен, когда был несмышленым ребенком, и всякие небылицы про наган, «подаренный Ворошиловым Буденному» – это просто от патологической лжи и ерничества, без которой Лебедев жить не может. То же самое про «генерал-майора, разжалованного в генерал-лейтенанты», это то же обычное лебедевское ерничество, которое он наивно принимает за остроумие, как и «факультет для генеральских детей», как и «папа-маршал». Мало кто раскрывает свое нутро, как в таком произведении. «Академик» – это, видимо, член нью-йоркской академии наук, в которой около сотни тысяч членов, и в которую принимают любого за уплату 90 долларов в год. Это – аналог российского общества «Знание», но в США практически все «русские» (в кавычках – это и к Лебедеву относится) второго взноса уже не делают, поскольку диплом «академика» уже получен. На самом деле слово «академик» во всем мире относится только к членам национальных академий наук, поскольку прочих академий – тьма. Они выполняют важные просветительские задачи, финансово поддерживают организации и проведения конференций, публикации сборников трудов этих конференций, и так далее. Дело хорошее. Но «академиками» нигде в мире их не называют. Кроме русских, типа Лебедева, которые взыскают внимания «масс».

Итак, вернемся к письму с приложениями:

Мой респондент**: Любопытно, а как Вы лично относитесь к автобиографии Лебедева? Знакомились?**



© Nasha Canada Russian Newspaper

Издатель Валерий Лебедев (США)

Великий Диссидент

Профессор и академик, издатель и публицист, яркий представитель последней непрекращающейся волны русской эмиграции Валерий Лебедев родился в период очередной окончательной победы социализма, где-то между 18 и 19 съездами партии в аристократической семье.



На снимке профессор, бежавший от московской Чека, наяривает «Лебедя» двумя руками.

Дед его из зажиточных крестьян был судовым коком на «Потемкине» (кого революционный суд засудит, того и кокнет), бабка – активистка Бунда – из немок. Мальчик рос в атмосфере свободомыслия и политических дискуссий – то бабка деда раскулачивает, то дед достанет именной наган, подаренный Ворошиловым Буденному, и давай бормотать что-то про безродных космополитов. Перед самым 19-м съездом маленького Валеру впервые арестовывают – он случайно нацепил октябрятский значок вверх ногами. Стукнула учительница Клавдия Григорьевна Беликова, которую дети ласково называли «КГБ». Сразу же Валериного папу, генерал-майора, разжаловали в генерал-лейтенанты. Но, слава богу, грянул исторический 20-й съезд партии и все обошлось. Папе вернули звание и Валера, выйдя на свободу, поступает в университет на факультет для генеральских детей. Что изучал Лебедев в университете – никому неизвестно, но уже к 22-му съезду партии он в чине профессора гастролирует по стране с циклом лекций «Есть ли жизнь в Америке».

Беда нагрянула неожиданно. После судьбоносного 24 съезда, вызвали профессора Лебедева в Политбюро. «Что это вы себе позволяете?» – оторвавшись от кислородных подушек, с трудом спросили они и показали заявление училки К.Г. Беликовой тридцатилетней давности. И несмотря на то, что папа-маршал пообещал дать профессору ремня, В. Лебедева из партии уволили и лекции читать запретили. Помаявшись еще несколько лет на руководящих постах, профессор дождался последнего съезда КПСС, получил статус беженца и уехал в Бостон. Несколько раз в неделю профессор читает на радио «Свобода» лекции на тему «Есть ли жизнь в России» и раз в месяц перезванивается со

своей любимой учительницей К.Г.Беликовой, которая сейчас зовется Кларой Гершевной Бирман и проживает в городе Чикаго.

Респондент продолжает: Каким же дегенератом должен быть «сын маршала», чтобы не знать, что генерал – лейтенант это звание, следующее за званием генерал – майор? Прочитав все эти нелепости про «аристократическую семью» типа «Дед его из зажиточных крестьян был», я также ознакомился с его «литературным творчеством». Хотите парочку фрагментов? Вот, как комментирует Валерий Лебедев военные события в Ираке:

«Даже самый тупой иракский генерал, равно как и его коллега – русский, с легкостью отличит гурию секс-бомбу от матери всех бомб (а их как раз накануне завезли с базы). И предпочтет гурию секс-бомбу-дочь матери и бабушке всех и всяческих бомб».

Это и есть родная фразеология В. Лебедева. Можно еще привести множество примеров литературного «творчества» В. Лебедева отображающего жизнь сексуальных старух и всякой прочей мерзости. Хотя, справедливости ради, следует отметить, что у него есть также работы, посвященные более высоким сферам. Например, музыке. Его новое видение великого композитора, отображенное выражением «Бах – великий мелодист», так и хочется занести в мою коллекцию лучших дзенских коанов. Что касается личности самого В. Лебедева, то в результате анализа его литературной деятельности, а также его физиогномических данных, я, как человек, понимающий в области психологии, заявляю с полной ответственностью – в этом человеке кроется какой то отвратительный порок, скорее всего находящийся в области сексуальных перверсий.

Лебедев – представитель типичной «желтой прессы», и его лживые пассажи и русофобские сентенции можно цитировать десятками страниц. Особенно он развернулся на фоне последних украинских событий, но пусть этим занимаются другие организации. Достаточно упомянуть его реакцию на марш «Бесмертного полка» 9 мая 2015 года, которую он выставил в виде злобной пародии под названием «Бессмертный барак». Ладно, закончим про Лебедева, а то уже тошнит.

Категория 3
Популяционные генетики в лице Е. Балановской и О. Балановского и подписанты «письма 24-х»

Пример 1 . От Лебедева плавно переходим к Е. Балановской, «аргументация» которой такого же уровня. Но если Лебедев банально безграмотен в ДНК-генеалогии, и его ведет только русофобская ненависть, то «аргументация» Балановской продиктована самозащитой, страхом разоблачения многолетних ненаучных построений. Ее «критика» нахраписта, лжива, агрессивна, беспардонна. В недавнем интервью с главным редактором журнала «Панорама Евразии» А.Т. Бердиным она рассыпает гроздьями пасажи типа «ненаучные джунгли ДНК-генеалогии А. Клёсова», «фантасмагория ДНК-генеалогии», «квази-наука», «лженаука», «подмена настоящих наук», «ДНК-генеалогия альтернативна науке». При этом она ни разу не привела конкретных примеров, доказательств, опровержений расчетов или интерпретаций. Причина проста – у неё их нет. И дело не только в низком уровнее ее знаний, хотя это очевидно. Не случайно в Википедии приведена ее фраза, что *«Клёсов эксплуатирует собранную генетиками информацию, обрабатывает её неизвестными методами».* Вообще-то наука устроена так, что разные области науки «эксплуатируют информацию», собранную в других областях. Физики-теоретики «эксплуатируют информацию», собранную физиками-экспериментаторами, историки – собранную археологами, фармакологи – собранную химиками, строители мостов – информацию, предоставленную специалистами по сопромату, и так далее. Уровень Балановской – это уровень техника-лаборанта, а именно делать анализ крови и слюны и получать гаплотипы-

гаплогруппы, мой уровень – осмыслять полученные другими гаплогруппы-гаплогруппы, проводить расчеты, которые Балановская делать не умеет *(«обрабатывает неизвестными методами»),* делать хронологические оценки и делать интерпретации исторического характера. Каждому своё, так сказать.

В первой части настоящей книги представлены основные положения, методология, значения констант скоростей мутаций и и расчетный аппарат ДНК-генеалогии. Это в разных вариантах опубликовано в академической печати, в книгах и популярных статьях за последние семь лет, так что у Е. Балановской было вполне достаточно времени, чтобы найти ошибки и прочие свидетельства «ненаучных джунглей», «фантасмагории», «лженауки» и прочих. Как ни странно, не нашла. Но каждый раз в печати продолжаются агрессивные словоизвержения. А если по-простому, то беспардонная ложь.

Но дело здесь далеко не в низком уровне знаний Балановской, и не в том, что Балановская не понимает расчетного аппарата ДНК-генеалогии. Когда не понимают, подобную агрессию не выражают, а либо обращаются за разъяснениями, либо затихают, стесняясь показать свое непонимание. Так что дело не в том. В чем – я уже упоминал выше. Это – агрессивная реакция загнанной в угол. В углу Балановские оказались потому, что в течение долгого времени использовали в своих статьях принципиально неверные методы расчетов, получали данные, отличающиеся от правильных на 250 %-350 %, и, соответственно, выдавали принципиальное неверные исторические интерпретации. Если они это признают – а деваться из угла некуда – то надо денонсировать множество своих публикаций в «ВАКовских журналах», в журналах «индексированных», о каких они постоянно упоминают, как якобы о свидетельстве высокого качества их публикаций.

Но не только это объясняет ложь и агрессивность Балановской. Дело в том, что Балановская несколько лет назад открыла частную коммерческую компанию по тестированию ДНК на площадях лаборатории Академии медицинских наук. Ниже – копия типичного сертификата, в котором по понятным причинам нами скрыта фамилия и гаплотип тестируемого. Стоимость тестирования, как сообщают «клиенты» – 200 долларов, по нынешним ценам примерно 13 тысяч рублей. Все это идет в карман «тестирующих». Не знаю, как в России, но в США за это крупный штраф и хорошая вероятность тюремного заключения. Потому что организация, фигурирующая на бланке – государственная.



Балановская, конечно, солжет, что они эти анализы делают всем бесплатно, но «тестированные» обращаются ко мне с просьбой объяснить полученные данные, и сообщают, сколько они за это заплатили. Разбираться в этом вопросе – прерогатива соответствующих государственных служб, не моя. Моя задача – показать, откуда происходит такая ненависть к ДНК-генеалогии и ко мне лично со стороны Е. Балановской. Дело в том, что было публично объявлено, что недавно зарегистрированная в России Академия ДНК-генеалогии вскоре откроет Лабораторию ДНК-генеалогию в Москве, причем Лаборатория будет тестировать желающих, а также древние, ископаемые ДНК по несравненно более передовой технологии, по тысячам снипов (у Балановской их всего несколько, и не тысяч, а единиц), и ясно, что скоро лаборатории Балановской вскоре будет нечего делать, «клиентов» и их денег не будет. Заведомо проигрышная перспектива, отсюда и агрессия, и ложь Балановской.

Выходит, прав был М.Н. Задорнов, когда в своей радиопередаче, упомянув имя О. Балановского, сказал:

На Клёсова сейчас ополчились такие модные сегодня ученые, которые хотят сделать бизнес на каком-то новом научном направлении, а Клёсов им мешает… Сегодня в России и в Украине есть такие центры, которые за «бабки» рассказывают, откуда ты родом. Но большинство из них просто ««гонит». Это как, когда я был в Тибете, прилетали из одного банка топменеджеры, менеджеры, и они все на самолете залетали на Джомолунгму (там что ни гора, то Джомолунгма), где сидел раджа местный, бывший учитель физкультуры из Бурятии, который втюхивал им про их прошлые жизни. И потом оказалось, что трем из них он сказал, что они были Александром Македонским, два Цезарем, ну а один Клеопатрой был… И вот такие Клёсова ненавидят! (выступление на радио, ноябрь 2014 г.)

Пример 2 . Дадим еще цитаты из Балановской, хотя и так все ясно. Но ясно, видимо, не всем, поэтому приходится демонстрировать ущербность ее передергиваний. Итак -

– «*он свел историю к химической кинетике ДНК-мутаций»*

– «интерпретации его, конечно, дикие»

– «он объявил богатство (популяционной гететики) ««мусором»

– «своих данных у него вообще нет»

– «Все, что у него есть – простой ««калькулятор» химической кинетики

И так далее, всего не перечислить. Но расчет здесь – нахрапом, на людей не думающих. «Свел историю к химической кинетике» – все равно, что написать «свел археологию к лопате». Химическая кинетика – это научный, объективный, количественный инструмент расчета хронологии исторических событий. Хронология исторических событий в свою очередь дает основания для проведения исторических интерпретаций, которые далее выверяются независимыми данными археологии, лингвистики, этнографии и других сопряженных наук. Все это в совокупности образует, как правило, динамичную, неоднозначную картину истории, которая находится в постоянном развитии в ходе продолжающегося развития науки.

Что касается «диких интерпретаций» – то почему-то ни одна из них не была Балановской когда-либо рассмотрена. Ни одна и нигде. Ни по образованию гаплогруппы R в Южной Сибири (что недавно было подтверждено при изучении ископаемой ДНК неподалеку от Байкала), ни по образованию гаплогруппы R1a там же примерно 20 тысяч лет назад (что недавно было подтверждено при изучении снипов Y-хромосомы в геномных исследованиях и соответствующими расчетами компании YFull), ни по (пра) славянским миграциям в Европу в III–I тыс до н. э. и в начале н. э., ни по динамике мутаций в «африканских» Y-хромосомах, что позволило опровергнуть концепцию «выхода современного человека из Африки», ни по арийским миграциям в Месопотамию, на Иранское плато, в Индостан, на Алтай, ни по истории кельтов, скифов, кавказцев (за что, в частности, я был избран в Национальную академию Грузии), обитателей Передней Азии, в особенности пуштунов, ни по ДНК-генеалогии евреев, ни по многочисленным другим родам, племенам, народам, ни по десяткам персональных интерпретаций конкретных гаплотипов и снипов, регулярно публикующихся на сайте «Переформат», который ведут профессиональные историки. Ни по одному примеру «диких интерпретаций» не было комментариев Балановской или Балановского. Почему, интересно, они ограничиваются неконкретными, общими словами, типа приведенных выше? Ясно, почему – они в этом не разбираются, методами расчетов не владеют, потому от конкретных комментариев воздерживаются. Максимум, что могут – общий «негатив», типа «не читала, не знаю, не разбираюсь, но осуждаю». Почему осуждает – рассказано выше.

Далее – действительно, я не раз объявлял «построения» Балановских в области попгенетики мусором, и не без оснований. Только никакого «богатства» там не было и близко. Вот, например, пример «богатства», согласно которому христианство и мусульманство разделились якобы за полторы тысячи лет до христианства и за две тысячи лет до мусульманства. Это – в статье «Влияние истории, географии и религии на генетическую структуру маронитов в Ливане», в авторах которой – ведущие силы популяционных генетиков мира, и журнал серьезный – Eur. J. Hum. Genet., и год публикации относительно недавний – декабрь 2010. Но читая это, приходится только горестно разводить руками. Хотя можно и посмеяться, но печаль перевешивает. Потому что мусор – сами гаплотипы у попгенетиков обычно не рассматриваются, и ценная информация, заключающаяся в базовых, или предковых гаплотипах, совершенно не анализируется и не принимается во внимание. Вместо этого все гаплотипы всех гаплогрупп смешиваются в один «пул», рассчитываются некие суммарные «частоты», то есть frequencies, и строится некая диаграмма «популяционной генетики и географии», показывающая некие «дистанции между популяциями». Если гаплотипы и рассматриваются, то, как правило, популяционные генетики применяют к ним печально известный «коэфициент Животовского», который завышает исторические оценки (датировки) примерно в три раза, а на самом деле как получится, обычно от двух до пяти раз. И то с погрешностью, близкой к 100 %.

В ДНК-генеалогии, напротив, каждая гаплогруппа анализируется раздельно, в каждой

выделяются ДНК-генеалогические ветви, и они анализируются тоже раздельно. Рассчитываются времена до общих предков каждой ветви, анализируется структура базовых гаплотипов, выявляется хронология «бутылочных горлышек» популяции, и восстанавливаются, реконструируются времена жизни общих предков популяций, которые не прошли «бутылочные горлышки». То есть информация получается несравненно более детальная, имеющая прямую связь с историей, причем хронология получается в абсолютном масштабе времени.

В этом принципиальная разница между ДНК-генеалогией и популяционной генетикой. В первой – воссоздать историческую картину времен жизни и миграций общих предков популяций, во второй – показать разницу между популяциями в отношении «похожести» или «непохожести», выразив это в некоторых коэффициентах, не имеющих абсолютного значения. Первая – по сути историческая наука, вторая – по сути генетическая. Сравнительная генетика. Популяционная генетика. Она, безусловно, важна, но для решения совершенно других задач.

Обсуждаемая работа (про влияние истории, географии и религии) строилась именно так, как описано выше. Были посчитаны «частоты» для ряда популяций Ливана, Кипра, Турции, Сирии, Балкан, Италии и Ирана, разделенных по региональном признаку и по религиозному. Например, среди 127 маронитов северного Ливана оказалось двое с гаплогруппой R1a-M17. Записали – частота 1.6 %. А с гаплогруппой R1b-M343 – 8 человек. Записали – частота 6.3 %. И так далее, по 30 популяциям и 15 гаплогруппам, что особого смысла не имеет и никому для исторических исследований не нужно. Но так работают попгенетики. Эту матрицу нанесли на график, и получили облако точек, из которого считали «вариации» этих частот «между нациями», «между религиями», и «между регионами». Понятно, что это никакая не ДНК-генеалогия, и не имеет к ней никакого отношения.

Но авторы все-таки замахнулись на исторические оценки, хотя лучше бы они этого не делали. Потому что они опять, как принято у популяционных генетиков, сложили в один пул все мутации и разделили на все тот же «коэффициент Животовского», который выведен по сути для совершенно другой, в высшей степени искусственной ситуации (а именно, для тысяч гаплогрупп на протяжении десятков тысяч лет). В итоге они получили, совершенно не задумываясь (как следует из статьи) о смысле, что разделение христиан с мусульманами произошло 3475 лет назад (с доверительным интервалом между 2000 и 6025 лет назад!) или 3325 лет назад (с доверительным интервалом от 1875 до 4225 лет назад), и затем эти 3475 и 3325 лет усредняли (!), получив, надо полагать, 3400 лет назад.

Поскольку, как авторы отмечают, это намного раньше времен как христианства, так и мусульманства, то они делают вывод, что эти народы стали разделяться еще в те времена, то есть за полторы тысячи лет до христианства, не говоря о мусульманстве. Потрясающе! Подумать об альтернативе, что просто неправильно считают, никому из 13 авторов статьи в голову не пришло. В итоге этот неверный вывод вынесли и в заключение статьи, и в Абстракт.

На самом деле, разделив на 3, тот самый средний поправочный коэффициент, отличающий «коэффициент Животовского» от здравого смысла, они бы получили, что разделение христиан и мусульман произошло примерно 1100–1200 лет назад, то есть в 8-10 вв нашей эры, плюс-минус несколько веков, то есть именно во времена распространения мусульманства.

Наконец, как и наблюдается практически всегда в статьях и книгах по популяционной генетике, ни одного гаплотипа в статью даже и не вынесли. Никакого обсуждения гаплотипов не было, как будто никакой информации они не несут.

Вот это и есть принципиальное отличие популяционной генетики от ДНК-генеалогии. Для последней – вид гаплотипа, его численное выражение – это визитная карточка, паспорт популяции. Сопоставление базовых гаплотипов популяций – это кладезь информации, недоступной в рамках популяционной генетики.

Вот так «работают» и Балановские со своими учениками, получая полную

бессмыслицу. Цитировать их мусор можно до бесконечности. Например, берут они набор славянских гаплотипов (в основном Белоруссии, Польши, Украины, России) субклада R1a-M458, которые датируются (со времени возникновения) примерно 4500 лет назад, прилагают безумную «популяционую скорость», она же «скорость Животовского», получают «датировку» более 10 тысяч лет назад, и начинают «интерпретировать историю». Это что, «богатство популяционной генетики»? Нет, это мусор, к истории никакого отношения не имеющий. Получают «вывод», что никаких миграций гаплогруппы R1a в Индостан не было, потому что в Индии нет R1a-M458, а за 10 тысяч лет должны были бы дойти, по «мысли» авторов. Подключается историк Л. Клейн, подхватывает эту «мысль», и развивает ее в отношении «происхождения славян», и тут же отрицает роль R1a-M458 в этногенезе славян, потому что более 10 тысяч лет – это, конечно, намного древнее. Так что и у него мусор, по порочной эстафете. Автор (Балановские и др.) опубликовали это мусор в 2010 году, Клейн подхватил это в 2015 году, прямо перед тем, как авторы датировки переделали, сообщив, что это не более 10 тысяч лет, а 3 тысячи лет. Так что Клейн полностью опростоволосился («обосрамился», по выражению Хазанова), и, естественно, тут же свалил вину на авторов, что его ввели в заблуждение. Ирония еще и в том, что 3 тысячи лет для R1a-M458 – тоже неверная датировка, авторы кинулись из одной крайности в другую и занизили «возраст» субклада, просто потому, что опять не знали, как считать. Что особенно занятно, в своей статье 2015 года авторы так и не признали, что прошлая датировка более чем в 10 тысяч лет была неверной. Они просто «замели под ковер» свою ошибку, и тихо перешли к новой (опять неверной) датировке, без объяснений. Опять фактически обман. В этом – «нутро» попгенетики – обман, непризнание ошибок, ложь, агрессия. И всё на фоне генерируемого ими мусора.

Совсем забавно читать то, что *«своих данных у него вообще нет».* Это стиль лаборанта о своем начальнике. Лаборант обычно считает, что он в отношении получения данных самый незаменимый. Мои данные – в сотнях статей и во многих книгах. Но у Балановской – словопоток, смысла не имеющий. Главное – негатив, он определяет «мышление».

«Все, что у него есть – простой «калькулятор» химической кинетики». Это тоже неплохо. Интересно, знает ли Балановская о том, что такое «калькулятор химической кинетики»? Я вот не знаю, хотя химическая кинетика – моя специальность по образованию, я заканчивал кафедру химической кинетики МГУ, автор многих учебников для высшей школы по химической и биологической кинетике.

Читая интервью, которая Балановская дала Азату Бердину, главному редактору «Панорамы Евразии», понимаешь, как легко окрутить вокруг пальца неквалифицированного собеседника, который к тому же рад быть окрученным. Любая ложь, любые передергивания идут в дело, и воспринимаются собеседником как якобы правда. Идет извращенный поток сознания, в котором ничего правдивого нет, даже в мелочах, не говоря о крупном. Балановская говорит о том, что я якобы отказался от прямых научных дискуссий на конференции в РАН (по карачаево-балкарскому народу), но умалчивает о том, что на той же конференции в первый же день я предложил ей и сыну, О. Балановскому, провести обсуждение наших несогласий, и Балановская отказалась, сказав, что они и так все знают. И такая ложь во всем, в любом описании событий. То, что Балановских под топот ног участников изгнали из зала заседаний, она, конечно, умалчивает, но свое отношение к изгнанию описывает – *«как же надо бояться правды и научной честности, чтобы заранее организовывать такие спектакли».* При этом умалчивает, что заранее организовывала публичную обструкцию на заседании сама, собирая сторонников по всей Москве и подавая списки в Оргкомитет на выдачу им пропусков, о чем с возмущением говорили сотрудники Оргкомитета. Но организаторы конференцию обструкцию сорвали, удалив Балановских из зала под аплодисменты аудитории. Этого, разумеется, в интервью Балановской нет. Нет и того, что Балановская подделала резолюцию круглого стола заседания, что ДНК-генеалогия якобы отвергается Академией наук, и тут же выставила фальшивую резолюцию в Википедию, на «мою» страничку, где фальшивка была разоблачена читателями и через два

дня снята.

Все это, разумеется, за пределами науки. Но вот как Азат Бердин, главный редактор журнала, позволил себе не усомниться в живописаниях Балановской и принял ее ложь за чистую монету – вот это уже удивительно. Почему он не связался со мной и не уточнил основные «моменты», как принято в приличных изданиях, почему не связался с организаторами конференции А.Х. Тоторкуловым и М.Д. Каракетовым, которые бы сразу указали на ложь Балановской? Так не поступает главный редактор серьезного журнала, информация обычно выверяется. Но в этом тоже есть своя логика – непрофессионализм Балановской и непрофессионализм Бердина, главного редактора журнала, нашли друг друга. Кстати, я написал Бердину, сообщив, что готовлю материал по тому интервью для книги, и предложил ему обсудить. Ответа не получил. Поэтому даю этот материал.

Пример 3 . Есть целая субкатегория комментариев про ариев, часть которых не злонамеренные, а безграмотно-злонамеренные. В них, как в капле воды, отражается оболванивание народа на протяжении многих десятилетий. При упоминании слова арии, причем в историческом контексте, при отнесении к временам IV–I тыс до н. э., оболваненные вскидываются и объявляют это нацизмом. Выдержка из сетевого разумного комментария человека по имени dionisiy – *«надо добавить, что термин «арии» широко использовался в научной литературе дореволюционного периода».* Тут же поступает ответ «оппонента» по имени Дьулустаан – *«Опять нацистскую теорию запускаешь? Мифические арии всегда были врагами России и человечества! Это пропаганда нацизма!».* И тут же другой – *«Это есть фашизм чистой воды!».*

Видимо, комментарии здесь излишни. Вряд ли эти люди психически нездоровы. Это, скорее, ментальные роботы, с промытыми мозгами. Сами думать и размышлять они не умеют, или просто неспособны. Вот это и есть основа фашизма в любой стране. Казалось бы – любой должен понимать, что исторические арии, которые жили тысячелетия назад, какое они отношение имеют к нацизму? К фашизму? Но ведь не понимают, эти ярые «критики» реагируют на звук своей сигнальной системой, причем реагируют агрессивно и фанатично, с идеологическими угрозами.

На самом деле не только в литературе дореволюционного периода использовалось понятие арии, это – неотъемлемая часть любой научной монографии по истории или археологии, в которой описываются степные миграции в Евразии в III–II тыс. до н. э. Открываем книгу Л.С. Клейна «Древние миграции и происхождение индоевропейских народов» (2007), начинаем считать слово «арии». Всего в книге 226 страниц, из них на первых 54 страницах слово «арии» в разных вариантах повторено 238 раз. В книге Е.Е. Кузьминой «Откуда пришли индоарии?» (1994) объемом 457 страниц, то же слово повторяется 72 раза на первых 200 страницах. Это что, тоже пропаганда нацизма? И вот такие истеричные, идеологически взвинченные люди, как Дьулустаан, наводняют интернет. Они свирепо бросаются на ДНК-генеалогию, описывающую миграции исторических ариев.

Но безграмотность подобных активистов – это только полбеды. Беда, когда это провокаторы, идеологические доносчики, как профессор Л.С. Клейн. В поисках компромата они подхватывают тот же заигранный вариант, связку исторических ариев и нацизм. Его не смущает, что он упоминает ариев сотни раз в своей книге (см. выше), но когда упоминает другой – тут Клейн начеку. Цитата: *«Индоевропейцев ариями называть никаких оснований (кроме нацистских пожеланий) нет».* Приэтом Клейн намеренно опускает, что речь – о тысячелетиях назад, когда ариями был всего один род, род R1a, что подробно показывается выше в этой книге. «Нацистских пожеланий» – это опять политический донос. Что-то их роднит с Боринской – интересно что? Там же и Шнирельман, в той же компании – и в той же кампании, подписант того позорного «письма 24-х».

Еще от Клейна – якобы мои исследования *«немедленно перекочевывают в широкие массы националистически настроенных читателей».* Дошло до того, что Клейн цитирует безумные националистические высказывания из сети, которые я в глаза не видел и об

авторах не имею понятия, и приписывает их мне. Когда я его прижал, чтобы он подтвердил это цитатами, Клейн заявил, что цитат у него нет, но они наверняка это почерпнули у меня. И все это Клейн отправляет в печать, на публику. Что, не лживый доносчик?

Несколько лет назад у меня была переписка с Клейном[185], но после обмена немалым количеством писем переписку я прекратил. Ее продолжение стало бессмысленным. Мне, признаться, надоели безграмотные комментирования Клейном принципов

ДНК-генеалогии на фоне упреков, что я неумело комментирую лингвистику. Если оба мы неумело комментируем, то к чему все это? Мой собеседник, как стало окончательно ясно, после первых 28 писем не разобрался даже в азах ДНК-генеалогии, в начале переписки он не понимал разницы между гаплотипами и гаплогруппами и какое значение имеют те и другие для интерпретации данных, и через два дня он уже указывал, где должны быть какие гаплогруппы. Он уже за эти два дня решил, что гаплогруппа R1a1 *«не самая влиятельная и не самая интересная даже для славянского этногенеза».* Вообще терминология типа *«влиятельная»* для гаплогрупп – это тоже в безумном стиле Клейна. И опять эти низкопробные отнесения к нацистам при упоминании ариев, гаплотипы которых практически совпадают с гаплотипами современных этнических русских гаплогруппы R1a, что моему собеседнику откровенно не нравится. К тому же постоянные переходы «на личность», которые я из публикации убрал как спам и как свидетельства неудачного воспитания собеседника. Его не устраивало и то, в какой одежде я фигурирую на фотографиях, которые он разыскал в Интернете, в каких издательствах я печатаюсь, и прочие «фантики», которые нормального ученого просто не должны ни касаться, ни интересовать. Но это нормального ученого. Так что я, признаться, в Клейне как в ученом сильно разочаровался. Что-то там несовместимо.

Я ему написал, цитирую (это есть в опубликованном материале): *«Ну и где, уважаемый Лев Самуилович, Вы видите у меня «разжигание националистических настроений»? А ведь эта переписка предназначается для печати. Вам не кажется, что это форма политического доноса? Вот что значит уходить от сугубо научной дискуссии в персональные инвективы. Я ведь не в первый раз в ходе нашей дискуссии Вам на это указываю».*

Тот же Л.С. Клейн пишет мне, что «славяне произошли от иранцев и сарматов». Здравствуйте, приехали. Он умалчивает здесь, что «иранцы» – это язык, и не люди (причем язык на самом деле арийский), и не знает, что сарматы – в основном принадлежали гаплогруппе R1b, которая у славян минорная. Я ему отвечал – «я *называю гаплогруппу R1a ««арийской» (и тоже в определенном контексте) только потому, что ее носители прибыли в Индостан примерно 3500 лет назад. То есть это просто смысловая привязка, узнаваемая «этикетка», не более того. «Советский народ – покоритель космоса» тоже не означало, что все советские люди в космос летали. Почти все в нашей жизни строится на условностях названий. Это мы и называем «парадигмой* ».

Я продолжал: «Должен сказать, что я опять и опять встречаюсь с коллизией «ментальностей» гуманитарных и естественных наук. В естественных науках терминология отнюдь не является камнем преткновения, и при введении нового термина достаточно пояснить, что он означает, какой смысл в него автор вкладывает. Важнее суть, а именно, какое положение автор выдвигает. Если автор выдвигает и обосновывает положение, что, например, тохарские языки вовсе не пришли из Европы, а находились на своем месте тысячелетиями, и показывает, что именно потому они столь архаичные, и именно потому они намного старше относительно недавних «индоевропейских» языков Европы, то с «естественно-научной ментальностью» совершенно неважно, назвать их гаплогруппу R1a арийской или «будущей арийской». Важно то, что этим (если положение достаточно

185 *А.А.* Клёсов (2011) Коллизия двух парадигм? Переписка с Л.С. Клейном. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, том 4, № 2, 246–402.

обосновано) открывается понимание целого ряда положений – и о происхождении кентумности как древней, архаичной формы пра-ИЕ (точнее, арийского) языка, и о расстановке языков вдоль миграционного пути носителей гаплогруппы R1a, и о возможной «прародине» (при всей условности этого термина) пра-ИЕ языков, и месте на этом пути Анатолии, Балкан, «курганной культуры» (или «горизонта», или опять как назвать, суть одна), Русской равнины, Индостана, санскрита и т. д. А мы с Вами, как видите, даже и не приоткрыли этот огромный пласт, потому что Вы зациклились на том, называть ли гаплогруппу R1a «арийской», и даже нацистов помянули, вообще не имеющих к этому отношение. Потому что в том, что я описываю, «арии» – это не раса, никакие не «сверхчеловеки», никакие не «нордические, с характером нордическим». И притягивать сюда нацистов абсолютно некорректно. Гитлер рисовал неплохие акварели, не будем же мы слово «акварель» запрещать, или стыдиться его? При чем здесь арии и нацисты? Этого я, честно говоря, от Вас никак не ожидал.

Вот что я писал Клейну про ариев и гаплогруппу R1a:

Вы опять, видимо, про слово «арии». Так вот, я использую именно то слово, которое исторически имеет один смысл – это люди, которые пришли в Индию в середине 2-го тысячелетия до н. э. Я вынужден повторять это опять и опять, потому что Вы к этому все время возвращаетесь. И вместе с ДНК-генеалогией я возвращаю этому понятию прежний, правильный смысл. И то, что линвисты внесли искусственную компоненту в это понятие, и настаивают на том, что якобы только так, лингвистически, арии и могут определяться – это в корне неверно в рамках других наук, и в первую очередь – ДНК-генеалогии. Выше Вы уже повторяли это искусственное определение, пригодное только для лингвистов – ***«арии – это выделившиеся из индоевропейской языковой общности носители неких языков… Никакого другого значения термин «арии» (как научный термин) не имеет… Носители такого-то языка – и точка»*** . Не нужно узурпировать понятия, которые относятся далеко не только к лингвистике. Я в такой же манере могу написать – **«Арии – это люди, которые пришли в Индию в середине 2-го тысячелетия до н. э. Никакого другого значения термин «арии» не имеет. И точка»** . Куцее и уклончивое определение ариев, данное лингвистами, объясняется только тем, что другого определения они дать раньше не могли. Просто не было соответствующих знаний. Но поскольку наука развивается, и знания появляются, то теперь мы уже знаем, что арии – это род, который продолжился и в индийцах, и в русских, и в таджиках, и в других носителях гаплогруппы R1a. Этих «неких языков» уже нет, во всяком случае в том виде, в каком они были тысячелетия назад. А род остался. Это – род R1a. И я имею полное право назвать этот род арийским. И точка. Это термин ДНК-генеалогии, и обсуждению не подлежит. Его можно только принимать или не принимать. Как и все остальные термины.

ДНК-генеалогия показала то, что раньше никак не предполагалось. А именно, что арии, пришедшие в Индию и Иран в середине 2-го тыс. до н. э. – это род, который можно описать в четких научных терминах. Все члены этого рода имели определенную мутацию (мутацию цитозина в тимин в определенном и пронумерованном участке Y-хромосомы), которая передается от отца к сыну на протяжении тысяч и десятков тысяч лет, и поэтому легко идентифицируется и в ископаемых остатках, и в наших современниках. Миграции этого рода достаточно надежно прослеживаются, потому что достаточно надежно датируются. Сама эта мутация появилась примерно 21000 лет назад[186], и с тех пор прослеживается и по времени, и по географии. Как Вы видите, вводится новая система понятий, которая нуждается в новой терминологии. «Индоарии» и «иранцы» выявляются по этой метке, которая может пересекаться, а может и не пересекаться с языками. Но языки меняются, ассимилируются, а мутационная метка остается.

---

[186] Примечание: Через пять лет после этой переписки компания YFull, на расчетах хронологии по снипам, определила время возникновения гаплогруппы R1a как 22000 лет назад, с интервалом погрешности ±2200 лет.

Поэтому можно ограничиться цифро-буквенными индексами, и говорить только об R1a, а можно назвать эту гаплогруппу «арийской», на том основании, что это название рода, который пришел в Индию-Иран, а перед тем имел свою многотысячелетнюю историю, которая опять же прослеживается в пространстве и во времени. Иначе говоря, я ввожу определение, которое можно принять или не принять, но в любом случае оно не должно заслонять сути дела и его важности.

И к этому же, в продолжение:

У меня арии – это род R1a, пришедший в Индостан 3500 лет назад. Они говорили на арийском языке. Какие здесь могут быть возражения? Пришел, естественно, не весь род, а группа его представителей, но это сути не меняет. А как мне его назвать? Арины?? Араны?? И гаплогруппа – аранская? Гаплоранская? Но ведь штука в том, что «арии» позволяют выстроить в ряд взаимосвязанных понятий их историю, язык, взаимоотношения с другими родами-гаплогруппами, провести связи с некоторыми понятиями мифологии, древних легенд и гимнов, с некоторыми археологическими культурами (хотя я предпочел бы, чтобы эти связи проводили археологи, или сами, или в сотрудничестве со мной).

* * *

С тех пор, после этой переписки, появились новые данные об арийской гаплогруппе R1a. Более детально проведены датировки гаплогруппы R1a в Индии, выявлены субклады, характерные для Индии, показано, что в Индостан арии действительно пришли с Русской равнины, проведено более детальное сопоставление гаплотипов гаплогруппы R1a этнических русских и индийцев, показано, что расхождение арийской линии R1a-Z645 (образовалась примерно 5500 лет назад) на Z93 (образовалась 5000 лет назад) и Z283 (5000 лет назад) и тут же Z280 (4900 лет назад) произошло или на Русской равнине, или на миграционном подходе к ней. В настоящее время Z280 (и нисходящие субклады) – это основной по количеству субклад этнических русских, а Z93 (и нисходящие субклады) – основной по количеству субклад индийцев гаплогруппы R1a, а также многих таджиков, киргизов, пуштунов, татар, башкир, карачаево-балкарцев. Все они, носители субкладов Z280 и Z93 – потомки ариев, субклада R1a-Z645.

Основ всего этого Клейн не воспринял в нашей переписке, да, впрочем, не воспринимает и сейчас. У него, видимо, образовался ментальный блок, или ментальный тромб, уже не знаю, что лучше.

Пример 4 . Кому мешает ДНК-генеалогия? Да всем русофобам и славянофобам, которых в сети немало. Которые пишут (как этот, под кличкой Могул) – *«Славяне – рабы, об этом все знают* ». И после этого – тирада ненависти по отношению к ДНК-генеалогии. Или некто Омаров, который пишет – *«Русские образовались в 18 веке. Основной субстрат – угро-финские народы (мордва, эрзя, поморы и т. д.) + тюрки (кыпчаки, татары-булгары), и немного славян от Киевской Руси».* И это все – в комментариях на популярные статьи по ДНК-генеалогии. Подобных комментариев – масса, но не буду делать им рекламу.

Пример 5 . Откуда-то в сети появляются неизвестные люди, по стилю легко распознаваемые как попгенетики, повторяют отработанные фразы про «псевдонауку ДНК-генеалогию», и хвалят Клейна и Балановских. Этакие тролли, выполняющие известные задания. Знакомьтесь – некая Татьяна Шингурова, статья свежая, март 2015 года. Опять стандартный попгенетический набор фраз про «африканскую Еву», которая якобы жила в Африке «более 200 тысяч лет назад», и африканского же «Адама». «Как об этом узнали?», риторически спрашивает Шингурова, говоря о «Еве», и сама отвечает – *«Все просто – у всех нас в геноме одинаковая митохондрия – набор из 25 генов, которые есть у любого человека. И передаются они только по материнской линии».* Всё, ответ на вопрос якобы дан. Так как узнали, что жила более 200 тысяч лет назад, и именно в Африке? На то у Шингуровой ответа

нет. Вот что такое стиль попгенетиков – сотрясение воздуха, ответы, которые на заданные вопросы не отвечают.

И тут же по заведенной линии переходит к «Адаму»– *«При этом Y-хромосома у всех нынешних мужчин также возводится к одному мужчине, прозванном Адамом».* Да ничего подобного. Уже давно рассматривается, что есть целая сеть ДНК-линий, которая не ведет к одному человеку. Даже такой сторонник концепции «выхода из Африки», как M. Hammer, в недавней статье в Sci. American (2014) был вынужден признать: *«Остается много нестыковок. Но одно совершенно ясно – корни современного человека уходят вглубь (времен) не к единственной предковой популяции в Африке, а к популяциям по всему Старому Миру* (то есть ко всей планете, кроме Америк)». Шингурова же работает по шаблону, не думая и не зная современное состояние дел. Вот и пишет, продолжая про Адама и Еву – *«жили они в разное время – Адам, от которого все современные представители мужского пола получили свою Y-хромосому, был на 150 тысяч лет моложе Евы».* То есть получается, что «Адам» жил примерно 50 тысяч лет назад. Опять безграмотность Шингуровой, повторение старых мантр. Известно, что гаплогруппе A00 200 тысяч лет или немного более, возможно, до 250 тысяч лет, это уже определено и по гаплотипам, и по снипам. Что, носители этой гаплогруппы в древности были вчетверо старше «Адама»?

Дальше начинается любимый конек Балановских, что украинцы больше близки к полякам, чем к русским. Сами Балановские уже выкручиваются, отрицают, что такое высказывали, но вот их подпевала Шингурова опять вытаскивает на свет их провокационное заявление. На самом деле это неверно – у русских, украинцев, белорусов и поляков практически одинаковый набор гаплогрупп, у всех примерно половина R1a, да и остальных гаплогрупп примерно также, за исключением некоторого превышения у этнических русских гаплогруппы N1c1 в северной части РФ, начиная от Пскова и севернее. Таблица сопоставления доли разных гаплогрупп у этнических русских, белорусов, украинцев (Львов), поляков, литовцев и хорват приведена в книге «Происхождение славян. ДНК-генеалогия против «норманнской теории» (2013, глава 15), и в несколько преобразованном виде следующая:

Белорусы	R1a – 51%	I2a – 18%	N1c1 – 10%	R1b – 5.5%
Болгары	17%	20%	0.5%	11%
Боснийцы	16%	56%	0.5%	3%
Македонцы	14%	23%	0.5%	13%
Поляки	57.5%	5.5%	4%	13%
Сербы	16%	33%	2%	8%
Словаки	42%	16%	3%	15%
Словенцы	38%	21%	0	18%
Русские	48%	15%	14%	6%
Украинцы	45%	13%	7.5%	7.5%
Хорваты	24%	37%	0.5%	8.5%
Чехи	34%	9%	0.5%	22%
Литовцы	38%	6%	42%	5%
Латыши	40%	1%	38%	12%
«Северные русские»	29-32%	1-2%	51-61%	2-11%

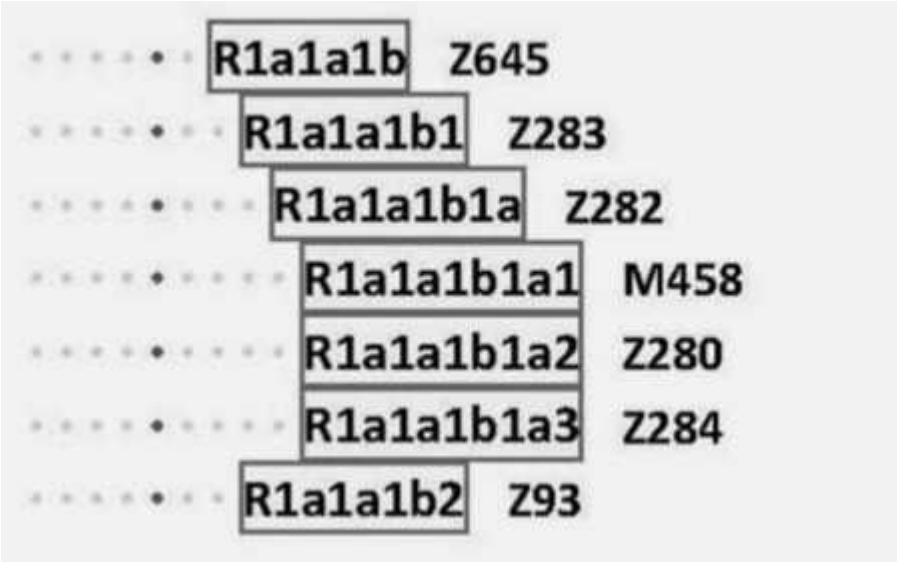
Более того, на основании принипиально неверных сопоставлений, Шингурова делает главный идеологический вывод Балановских, что прародина славян – это территория Киевской Руси. Ни о Балканах, ни о Новгороде, ни о дунайских славянах, ни о висло-одерском регионе они не хотят и слышать. Идеологическая установка такая. Историки, правда, такую установку не разделяют, но это неважно, главное – показать первичность Украины по отношению к Руси, как в истории, так и в «генетике».

И, наконец, Шингурова переходит к ДНК-генеалогии. Поскольку из-за Шингуровой торчат уши Балановских, то ясно, к чему это сведется. Ну, естественно: *«...появляются и*

развиваются частные направления по изучению генома народов и их происхождения. Некоторые из них относят к псевдо-наукам. Так, например, русско-американский биохимик Анатолий Клесов изобрел, так называемую, ДНК-генеалогию». И далее – *«Основными постулатами ДНК-генеалогии стали: гипотеза о неафриканском происхождении Homo sapiens, что противоречит выводам популяционной генетики, критика норманнской теории, а также удлинение истории славянских племен, которых Анатолий Клесов считает потомками древних ариев».*

Узнаете опять стиль попгенетиков? Если *«противоречит выводам популяционной генетики»* – значит, неверная теория. То есть не конкретные обоснования и доказательства, которые рассыпаются при ближайшем рассмотрении, а «если противоречит…». И вот такие люди считают это наукой. *«Критика норманнской теории»* – ну как это может быть правильным, не так ли? Где аргументы, данные норманнистов, которые все натянуты и передернуты, все продукты откровенной фальсификации? Как их объяснить тем, что в России, Украине, Белоруссии, Литве нет потомков скандинавов, нет скандинавских гаплотипов? Пусть попробуют объяснить без рассыпания «норманнизма» как карточный домик. *«Удлинение истории славянских племен»* – ах, как это не нравится русофобам, ненавистникам славян, тем же Балановским, прочим норманнистам… Ну и как же я их удлиняю, когда мутации в гаплотипах этнических русских гаплогруппы R1a, и моих в том числе, показывают время жизни их, наших общих предков примерно 4900 лет назад. Что этому Шингуро-ва с Балановскими могут противопоставить? Неуклюжие пассы, что евреи древнее? Да ничего подобного, евреи с арабами начали расходиться 4000 лет назад, а само появление еврейства еще на 400 лет позже, то если принять на веру Библию с Торой. А если принять изложения израильских историков, согласно которым еврейство появилось в Израиле только в железном веке, в начале, а то и в первой половине I тыс до н. э., то евреям как носителям религии только 2500–3000 лет. Неудивительно, что Балановским это крайне не нравится, на грани (а то и за гранью) истерики.

Что же касается славян как потомков древних ариев, то это не всех славян, а только гаплогруппы R1a. Эта тема детально разобрана в ответе на Вопрос 100 выше в этой книге. Балановские с Клейном, а это именно их повторяет Шингурова, все время сводят славян к гаплогруппе R1a, но это только половина славян к северу и востоку от Балкан, а балканские славяне на 30–45 % относятся к гаплогруппе I2a. Северные славяне, к северу от Пскова, на 30–40 % носители гаплогруппы N1c1. Балановским и Клейну это давно пора усвоить, а Шингурова меня совершенно не интересует, она статист-провокатор. Так вот, в очередной раз объясняю: данные лингвистики, археологии и ДНК-генеалогии объединяются при условии, что исходным арийским субкладом является R1a-Z645, диаграмма дана в ответе на Вопрос 107 и повторена ниже. Он образовался примерно 5500 лет назад, и уже 5000 лет назад разошелся на субклады Z93 и Z283-Z282, которые прошли практически одновременно, и тут же образовался субклад Z280, примерно 4900 лет назад, который объединяет большинство этнических рутоких гаплогруппы R1a. Субклад западных славян R1a-M458 образовался, видимо, чуть позже, примерно 4600 лет назад (корридор погрешности между 3700 и 5500 лет назад), но в пределах погрешности практически в то же время. Практически тогда же, примерно 4500 лет назад, образовался и скандинавский субклад R1a-Z284 (корридор погрешности между 3800 и 5200 лет назад).



Ну и кто может возражать тому, что ДНК-генеалогия этнических рутоких ведет свою линию от арийского субклада R1a-Z645?

Балановские, а здесь через Шингурову, постоянно твердят, что это неверно, но **никогда** не приводят данных, которые бы ставили это под сомнение. Опять типичный стиль попгенетиков – сотрясение воздуха во имя сотрясения, и ничего конкретного. Балановские давно вывели себя за пределы науки, и то, что выше, еще одно доказательство этого.

Следующий перл, который находится в противоречии с предыдущим. Только что Шингурова утверждала, что я считаю славянские племена *«потомками древних ариев».* И тут же, в следующем абзаце, пишет – *«В исторической науке говорить о славянах-ариях не принято».* Так все-таки славяне – потомки, или сами славяне-арии? Узнаете стиль попгенетиков? То одно, то другое. Главное – сотрясать воздух, ничего при этом не соображая. Берем в руки книгу «Происхождение славян» (2013), уже в аннотации и на задней стороне переплета читаем – *«изучение истории древних славян и их происхождение от ариев».* Где там славяне-арии? Включаем режим «поиск», и обнаруживаем, что на всех 510 страницах книги словосочетание «славяне-арии» не встречается ни разу. Да и быть не может – славяне и арии принадлежат разным историческим эпохам. Я еще могу допускать такое выражение в сетевой дискуссии, скорописью, в контексте «древние славяне», или скорее «праславяне», но, повторяю, в книге «Происхождение славян» его нет. Смотрим книгу «Занимательная ДНК-генеалогия» (2013) – тоже ни одного раза «славяне-арии». Открываем книгу «Арийские народы на просторах Евразии (по данным ДНК-генеалогии)» (2015) – опять ни разу. Ну так как, неуважаемая Шингурова, сами придумали, или Балановские подставили? И вот эта ложь у Шингуровой и Балановских во всем. Я с теми же «славянами-ариями» Балановского еще на Конференции по карачаево-балкарцам разносил, когда он это на слайде выставил, и вот через полгода Шингурова опять о том же. Урок не пошел впрок. Кстати, если кто решит придраться, что и термин «праславяне» у историков не принят (я и это слышал), то это не так. Например, читаем у академика В.В. Седова в книге «Происхождение и ранняя история славян» -

– Для более конкретной локализации праславян…
– Границы праславянской территории…
– На обширном пространстве между Одером и Средним
Поднепровьем сформировались праславяне…

и так далее, слово «праславяне» и производные от этого термина повторяются в книге 75 раз.

Дальше у Шингуровой – больше: *«материальная культура… не позволяет определить*

преемственность славянской культуры от народов Древней Индии и Ирана».

Это с каких пор славянская культура должна быть преемником народов Древней Индии и Ирана? Шингурова опять не понимает, о чем пишет. Если предки части славян, арии, ушли в Индию и Иран, то премственность славянской культуры в определенной части должна быть от тех, кто жил на Русской равнине в III тыс до н. э., в том числе и ариев, и позже, а также от потомков общих предков ариев, кто также влился в славянский этнос в ходе его формирования. И не только ариев, но и скифов, сарматов, и прочих сопредельных народов, а также носителей других гаплогрупп, в первую очередь тех, кто доминируют у современных славян (и предположительно были заметными и у древних славян), например, I2a, N1c1, а также E1b и других. Славянская культура определенно преемник многих народов, как и любая культура народов Европы. Но из всех народов Европы арии были наиболее близки предкам славян, поскольку они жили (на) и мигрировали (по) Русской равнине. Но Индия-то там при чем как «предок славян»?

«Генетики и вовсе возражают против ассоциации гаплогрупп с этническими признаками», объявляет Шингурова. Мой ответ – да и пусть возражают, я на их возражения ни малейшего внимания не обращаю. О терминах не спорят, их либо принимают, либо не принимают. Я связываю гаплогруппы и субклады с территориями и этносами там, где это уместно по контексту изложения. Попгенетики сами связывают – некто Wiik вообще называл гаплогруппу R1a «украинской», и ввернул это «этническое название» в свою статью 37 раз[187]. Что скажут попгенетики? У них вечно двойные стандарты. Я сделал то, что сделал – не принял это название и не цитировал. В итоге оно отмерло. А я назвал (вместе с И.Л. Рожанским) субклад R1a-M458-L260 западно-славянским, и это название используется литературе. И понятно, почему назвал – он наиболее проявляется в западно-славянском ареале Европы.

«По словам Клейна, выводы Анатолия Клесова о славянах-ариях сделали его изгоем в научном мире» – опять Шингурова, повторяет Клейна. А у Клейна опять ложь, причем двойная. Нет у меня ничего по «славянам-ариям», как я только что показал. Ложь и про «научный мир», этим он называет исключительно себя и Балановских. Уже после этих слов у меня вышло несколько статей в международных журналах, какой там «изгой»? Не говоря о том, что после его этих слов я был избран в Национальную академию наук, хорош «изгой». Похоже, люди типа Клейна и Балановских живут в придуманном ими самими мире, выдавая желаемое за действительное. Выше, на рис. 61, приведена динамика моего вклада в информационные потоки, по сведениям ресурса «ResearchGate». Так же приведены и данные по цитированиям, но у Клейна и близко к этому нет, у него цитируемость почти нулевая, индекс цитирования хорошо если на уровне ассистента, не то, что на профессора. Потому-то такие и открывают вендетту, вынести творческого унижения не могут.

Пример 6 : Как делаются и редактируются статьи в Википедии Балановскими, Боринской, Касьяном и проч.

Википедия – полезное издание, когда статьи относятся к давно устоявшимся понятиям, типа величины числа «пи». Открываешь – и смотришь, сколько там знаков после запятой, и какие они. Там – давно консенсус. Хуже, когда тематика новая, тогда темой завладевает некий энтузиаст, и если он еще и редактор, или находится под дружеским «прикрытием» редакторов, тогда статья просто отражает взгляды этого «энтузиаста». Еще хуже, когда тематика на страницах Википедии превращается в вендетту, причем когда редакторы – на одной стороне, противоположной. Тогда в статью тащится любой «компромат», любые возражения или дополнения «другой стороны» или сторонников, или просто людей объективных блокируются, размещаются некие высказывания или цитаты «противников», ссылки на которые идут на некие сетевые издания. Но занятно, что на статьи, по сути и по

187 Wiik, K. (2008). Where did European men come from? J. Genet. Geneal. 4, 35–85.

форме возражающие «компромату», показывающие его ложь и передергивания, ссылки и упоминания в Википедии отсутствуют, мне не раз сообщали, что пытались поставить, но они тут же снимаются. В следующем разделе в сокращенном виде приведены некоторые из этих статей, и ни на одну из них ссылок в Википедии нет. Это, откровенно говоря, не удивительно, как было полсотни лет назад, осталось и сейчас. Формы новые, в частности, Википедия, а приемы те же.

Вот, например, пассаж в Википедии – *«Вследствие некорректности теоретических основ «ДНК-генеалогии», её методов и выводов, специалистами эта концепция признана псевдонаучной».* Ссылка – на Балановскую. То есть Балановская, судя по ссылке, заявляет это от имени «специалистов», да и ссылка в итоге на себя и на несколько подпевал в сетевой дискуссии «Троицкий вариант». Я там принял участие, на все вопросы отвечал предметно – есть хотя бы одна ссылка? Нет, ни одной. Это, на мой взгляд, полная дискредитация Википедии.

Но эффект уже налицо, компромат вброшен. За запрос редакция отвечает – «Это авторитетный источник». То, что Балановская и Клейн изолгались донельзя, что в этой книге многократно показано, не имеет значения. «Авторитетный источник». Так делается наука в современной Российской академии наук – хотя, правда, ни Балановская, ни Клейн к РАН отношения не имеют, но у них там «сторонники». Про «письмо 24-х» этих «сторонников» позже будет рассказано.

В самом начале статьи, в врезке, идет:

Известен как:	биохимик, специалист в области полимерны композиционных материалов, биомедицины, ферментативного катализа; создатель псевдонаучной концепции “ДНК-генеалогия”

Последнее – «псевдонаучной» – добавлено недавно, в рамках всё той же кампании.

Далее – *«Вследствие некорректности теоретических основ «ДНК-генеалогии», её методов и выводов, специалистами эта концепция признана псевдонаучной[4][5]»* . Это – опять ссылки на Клейна и Балановскую. Разбирать это смысла не имеет, читатели этой книги, а также моих статей и книг знают, что никакой «некорректности» и «псевдонаучности» там нет. Почему Клейн и Балановская так пишут – я уже рассказывал, не буду повторять. Читатели этой книги сами увидят, что там «псевдонаучного».

«*В частности, против «ДНК-генеалогии» выступили историки[⇨], антропологи[⇨], этнологи, лингвисты и большинство специалистов в области популяционной генетики[⇨]».*

Интересно то, что ни одной статьи в академической печати с конкретной, содержательной критикой нет. Расчетный аппарат ДНК-генеалогии ни один специалист из перечисленных областей не расматривал и не критиковал. Ни один вывод не был опровергнут. Да и как они могут быть опровергнуты? Как может быть опровергнуто то, что в России, Украине, Белоруссии, Литве практически нет потомков скандинавов, у которых

обязаны быть характерные метки в ДНК? Как может быть опровергнут вывод, что у этнических русских гаплогруппы R1a картина мутаций в ДНК практически совпадает с таковой у индийцев в высших кастах (а там до 72 % носителей гаплогруппы R1a), а носителей гаплогруппы R1b, характерной для западноевропейцев и жителей Центральной Европы, среди индийцев и в их высших кастах нет. Как это можно опровергнуть, что и среди этнических русских и среди индийцев гаплогрупы R1a доминируют ДНК-линии исторических ариев, при определении, что предковая гаплогруппа ариев была R1a-Z645, которая образовалась примерно 5500 лет назад? Ясно, что ни одной попытки это опровергнуть и не было. Ни один из описанных «историков, антропологов, этнологов, лингвистов» совершенно не разбирается в ДНК-генеалогии, как они могут «выступать против»? Я знаю только двоих профессиональных историков, которые разбираются, и оба ДНК-генеалогию поддерживают. Это канд. ист. наук В.И. Меркулов и канд. ист. наук Л.П. Грот. Так что фомулировка из Википедии выше уже неверна. А «специалисты в области популяционной генетики» не могут поддерживать, они тут же бы работы лишились. Такая ныне обстановка в РАН и РАМН.

«*Сам Клёсов часто именует себя профессором Гарвардского университета, что не соответствует действительности* [~2]». Что это за ссылка 2? А это – внутренняя ссылка, на той же страничке, на которой опять указано, что «не соответствует действительности». Почему «не соответствует» – не указано. Ранее там была приведена справка из Гарвардского университа, что соответствует, но она вскоре была снята, как мешающая «компрма-ту». Справку сняли, а «не соответствует» оставили. Вот такие редакторы в Википедии. А о самом заявлении я уже написал выше, не буду повторять.

Любопытная цитата из Википедии:

Анатолием Клёсовым разрабатывается «ДНК-генеалогия»[13] – авторская концепция, которую он позиционирует как новую научную дисциплину[14]. Однако исследования генетического разнообразия человечества ведутся на протяжении уже почти сотни лет[14]. В рамках современной популяционной генетики[15] существует прикладная наука – генетическая генеалогия[1б], изучающая характер генетических взаимосвязей на основе генеалогических ДНК-тестов. Генетическая генеалогия имеет в России[14] и в других странах[13] другое популярное название – ДНК-генеалогия, совпадающее с названием продвигаемой Клёсовым авторской концепции. При этом многочисленные исследователи, работающие в рамках генетической генеалогии, считают работы Клёсова некорректными[17].

Здесь что ни положение, что ни ссылка – то невпопад. В ссылке 13 («*Словосочетание «ДНК-генеалогия» известно как минимум с 1986 года. См. Avise J. C, Ellis D. Mitochondrial DNA and the Evolutionary Genetics of Higher Animals// Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences. Vol. 312, no. 1154. P. 325–342).* – по всей статье нет словосочетания «DNA genealogy». Там, кстати, стоит примечание редакции Википедии, что «нет в источнике». Ссылка 14 – Балановская сослалась на себя, ну да ладно, пусть новая научная дисциплина, я согласен. Ссылки 15 и 16 – опять на Балановскую и Клейна. Но причем здесь «генетическая генеалогия»? Разве о ней Балановская писала, что расчеты ДНК-генеалогии ей непонятны? Ссылки 13 и 14 – опять передергивание, никогда «генетическая генеалогия» не назывались «ДНК-генеалогией», до введения мной этого термина в научный оборот в 2007–2008 году. Хотя мне все равно, пусть назывались бы, мне не жалко. Ссылка 17 – опять на Балановского, в сетевом издании.

Что же касается следующего пассажа из Википедии, то о нем речь пойдет в следующем разделе:

В начале 2015 года была опубликована коллективная статья 24 профильных специалистов и представителей академической науки (генетики, антропологи, лингвисты,

археологи), в которой публикации Клёсова в области генетики были подвергнуты серьёзной критике, результаты Клёсова оценены как псевдонаучные, а ДНК-генеалогия признана паранаукой.

Продолжать дальше смысла не имеет, суть ясна. Одно дело объяснять, в чем ошибаются те, кто просто не понимают, но эти-то все понимают, у них задача, цель, установка другая. Им объяснять бесполезно.

Часть IV
Кому мешает ДНК-генеалогия. «письмо 24-х» против ДНК-генеалогии, и какие (идеологические или научные) мотивы его вызвали

В январе 2015 года произошло знаменательное событие в российской околонаучной деятельности – впервые с советских времен сотрудники РАН, правда, средней категории, и примкнувшие к ним другие «средние», или «серые» (в терминологии братьев Стругацких) подписали коллективное письмо с порочащими «сведениями» о коллеге по науке – правда, коллеге более высокого научного ранга – лауреата Государственной премии СССР по науке и технике, члена Всемирной Академии науки и искусства, академика Национальной Академии «ближнего зарубежья». Приходится об этом писать, чтобы напомнить подобные ситуации 1950-х годов. В более поздние времена этим был удостоен, наверное, только академик А.Д. Сахаров. Но тогда никто не говорил, что наука в АН СССР была «в кризисе», сейчас ситуация изменилась, и о том, что РАН в кризисе, не говорит только ленивый. И это, пожалуй, факт. Отражением этого факта и явилось позорное «письмо 24-х». Масштаб, конечно, не тот, письмо не пошло в Президиум РАН или там в ЦК КПСС, оно было направлено в сетевой источник под названием «Троицкий вариант», и ссылка была дана в Википедии. Вот и весь масштаб. Но событие от этого не стало менее показательным и менее позорным. Разберем его по частям. Но сначала отметим, что из 24 человек, письмо подписавших – Е. Балановская, С. Боринская, А. Бужилова, В. Волков, М. Герасимова, Е. Година, Н. Дубова, А. Дыбо, Л. Епископосян, А. Касьян, В. Кашибадзе, Л. Клейн, А. Козинцев, О. Курбатова, Н. Маркина, Д. Пежемский, И. Перевозчиков, А. Соколов, Е. Тетушкин, В. Хартанович, Ю. Чистов, В. Шнирельман, Ю. Юсупов, В. Яблонский – ни один не занимается ДНК-генеалогией, а попгенетики – Балановская, Боринская, Тетушкин – по признанию Балановской в расчетах ДНК-генеалогии ничего не понимают. Остальные в ДНК-генеалогии или в смежных дисциалинах вообще никак не отметились. Занятно – на основании чего они высказали свое негативное мнение? На хрестоматийном «не читал, но осуждаю»? Или «приятель напел» в ответ на вопрос, почему не нравится Карузо? Похоже, что так, причем в качестве «приятеля» выступила Балановская. Она и напела.

Но тогда следует вопрос – а насколько подписанты могут считаться «учеными», именно так, в кавычках, когда они высказываются, причем негативно и публично, о том, в чем совершенно не разбираются? И с каких пор «порадеть родному человечку», то есть Балановской и Клейну, стало научным принципом?

Я вызвал подписантов на научный диспут (см. ниже статью «Вызываю огонь на себя»), и ни один/одна не откликнулись. И не мудрено, они же ничего в вопросе не понимают. Подавляющее большинство из них и в дискуссии на «Троицком варианте» участия не приняли, по той же причине. Вопрос тот же – зачем письмо подписывали? Стыдно не было? Совесть есть? Впрочем, вопросы риторические. Ни стыда, ни совести, ни знаний у них нет.

Удручающие научные профили подписантов «письма 24-х»

Кстати, о знаниях. Как-то с подписантами коррелирует то, что на многих из них

цитируемость в научной литературе почти отсутствует, так, на уровне начинающих кандидатов наук, порой ассистентов, до доцентов почти никто из них уже не дотягивает.

Про профессоров можно забыть, хотя большинство из них формально – профессора, некоторые даже член-корреспонденты РАН, это с такой-то цитируемостью, с таким вкладом в науку. Напомню, что цитируемость в научной литературе свидетельствует о вкладе в научные информационные потоки. Поэтому цитируемость, в особенности в виде уже общепризнанных индексов Хирша – один из основных параметров, характеризующих научную продуктивность людей, работающих в науке. Это – четкое выражение «научного профиля». Так вот, у практически всех подписантов этот «научный профиль» совершенно удручающий.

Начнем с Клейна, который позиционирует себя как крупного ученого – археолога и историка, немножко лингвиста. Но для начала введем точку отсчета – археолога Давида Энтони (David Anthony), который тоже археолог, и специализируется в той же области, в какой специализируется Л. Клейн – в частности, степные археологические культуры на Русской равнине. Смотрим цитирование на главные работы Anthony[188].

Видим, что на археолога Anthony цитирование вполне заслуженное, индекс цитирования Хирша на него равен 15. Это вычисляется по наиболее цитированные статьям, которые у D.W. Anthony имеют число ссылок 462, 445, 127, 125, 102, 84, 62, 48, 41, 36, 26, 22, 19, 16, 15. Как только число ссылок равняется числу цитируемых статей в этом ряду, счет прекращается, имеем индекс Хирша. Индекс, равный 15 – это много. Это равно или превышает негласные (в США) требования к занятию должности профессора многих университетов. А иногда и гласные требования, это зависит от конкретных университетов. В случае Anthony достижение этого уровня неудивительно, он действительно крупный ученый. Надо сказать, что каждая последующая единица в индексе Хирша достигается большим трудом, грубо говоря, затратами труда по экспоненте. Так, в июле 2013 года, два года назад, индекс Хирша у Энтони был равен 14 http://pereformat.ru/2013/07/google-scholar/. Так что потребовалось два года, чтобы его индекс поднялся всего на единицу – и это при том, что его книги продаются и читаются по всему миру.

[188] https://scholar.google.com/scholar?start=40&q=D.+W.+Anthony&hl=en&as_sdt=0,33



К слову, мой индекс Хирша равен 24, но это в основном на мои статьи не по ДНК-генеалогии, а по специальности по исходному образованию, то есть на статьи и книги по химической и биологической кинетике, а первая по цитируемости работа – это моя книга по композиционным материалам[189].

Всего же мой индекс Хирша складывается из следующего числа ссылок на статьи: 305, 270, 110, 108, 86, 70, 68, 58, 58, 47, 45, 41, 36, 34, 34, 32, 31, 30, 30, 29, 29, 29, 27, 25, 24. При этом следует заметить, что если ввести мою фамилию в транскрипции Klesov, то добавятся еще несколько сотен ссылок, плюс дополнительный индекс Хирша в 10 единиц, но я сумировать не буду, потому что этим открываются возможность для манипуляции с индексом. По этой же причине не добавляю индекс Хирша для статей и книг на русском языке, потому что опять открываются возможности для того же. Зная, кто подписанты того подметного письма, прекрасно понимаю, что у них тут же пойдут те самые жульнические манипуляции. И действительно, Клейн тут же в это жульничество кинулся, объявив, что у него десятки книг в лучших издательствах мира, и что это важнее, чем цитирование. Но беда в то, что эти книги не цитируют, значит, нет вклада в научные информационные потоки. Замечаете тут же акробатику, как только ловят за руку? В ход у жуликов тут же идут любые объяснения. Нет, этой возможности я им не дам.

189 https://scholar.google.com/scholar?q=Klyosov&btnG=&hl=en&as_sdt=0%2C33

[BOOK] Wood-plastic composites
AA **Klyosov** - 2007 - books.google.com
A comprehensive, practical guide to wood-plastic composites and their properties This is the first book that presents an overview of the main principles underlying the composition of wood-plastic composite (WPC) materials and their performance in the real world. ...
Cited by 305 Related articles Cite Save

Trends in biochemistry and enzymology of cellulose degradation
AA **Klyosov** - Biochemistry, 1990 - ACS Publications
Cellulases are the group of hydrolytic enzymes able to hydrolyze insoluble cellulose to glucose. They are produced by microorganisms, plants, and animals (in this case by symbiotic microorganisms), usually as a cellulase system of several distinct enzymes. ...
Cited by 270 Related articles All 7 versions Cite Save

Adsorption of high-purity endo-1, 4-β-glucanases from Trichoderma reesei on components of lignocellulosic materials: cellulose, lignin, and xylan
VM Chernoglazov, OV Ermolova, AA **Klyosov** - Enzyme and Microbial ..., 1988 - Elsevier
Abstract From one strain of Trichoderma reesei, six different types of endoglucanase, which had been purified to homogeneity, varied in the intensity of their binding to cellulose (for comparison) and varied in similar order in their binding to lignins from birch and larch and ...
Cited by 108 Related articles All 4 versions Cite Save

Possible role of liver cytosolic and mitochondrial aldehyde dehydrogenases in acetaldehyde metabolism
AA **Klyosov**, LG Rashkovetsky, MK Tahir... - Biochemistry, 1996 - ACS Publications
To provide a molecular basis for understanding the possible mechanism of action of antidipsotropic agents in laboratory animals, aldehyde dehydrogenase (ALDH) isozymes were purified and characterized from the livers of hamsters and rats and compared with ...
Cited by 110 Related articles All 4 versions Cite Save

Role of the activity and adsorption of cellulases in the efficiency of the enzymic hydrolysis of amorphous and crystalline cellulose
AA **Klyosov**, OV Mitkevich, AP Sinitsyn - Biochemistry, 1986 - ACS Publications
MATERIALS AND METHODS The endoglucanase activities of enzyme preparations under study are given in Table I. Other properties of these preparations have been described in detail elsewhere (**Klyosov** et al., 1982; **Klyosov** & Rabinowitch, 1980). The concentration
Cited by 70 Related articles All 3 versions Cite Save

Kinetics and specificity of human liver aldehyde dehydrogenases toward aliphatic, aromatic, and fused polycyclic aldehydes
AA **Klyosov** - Biochemistry, 1996 - ACS Publications
Human mitochondrial aldehyde dehydrogenase (ALDH-2) has a K m for acetaldehyde that is 900-fold lower than that for the cytosolic isozyme, ALDH-1. An increase in aliphatic aldehyde chain length decreases the ALDH-2 K m by up to 10-fold but decreases that of ...
Cited by 86 Related articles All 4 versions Cite Save

Kinetics of the enzymatic hydrolysis of cellulose: 1. A mathematical model for a batch reactor process
AV Gusakov, AP Sinitsyn, AA **Klyosov** - Enzyme and microbial technology, 1985 - Elsevier
Abstract A mathematical model for enzymatic cellulose hydrolysis, based on experimental kinetics of the process catalysed by a cellulase [see 1, 4-(1, 3; 1, 4)-β-d-glucan 4-glucanohydrolase, EC 3.2. 1.4] preparation from Trichoderma longibrachiatum has been ...
Cited by 58 Related articles All 2 versions Cite Save

Если ограничиться только ДНК-генеалогией, то соответствующий индекс Хирша у меня равен девяти: 34, 29, 20, 16, 14, 14, 13, 13, 9. Самые цитируемые статьи:



После этого вступления в цитируемость научных статей, перейдем, как обещано, к Л. Клейну[190]. Индекс цитирования у него 11, список цитирований: 114, 65, 64, 51, 43, 40, 29, 24, 20, 18, 12. В общем, на доцента потянет.

Но забавно, как на этот материал отреагировал Л. Клейн (в дискуссии на «Троицком

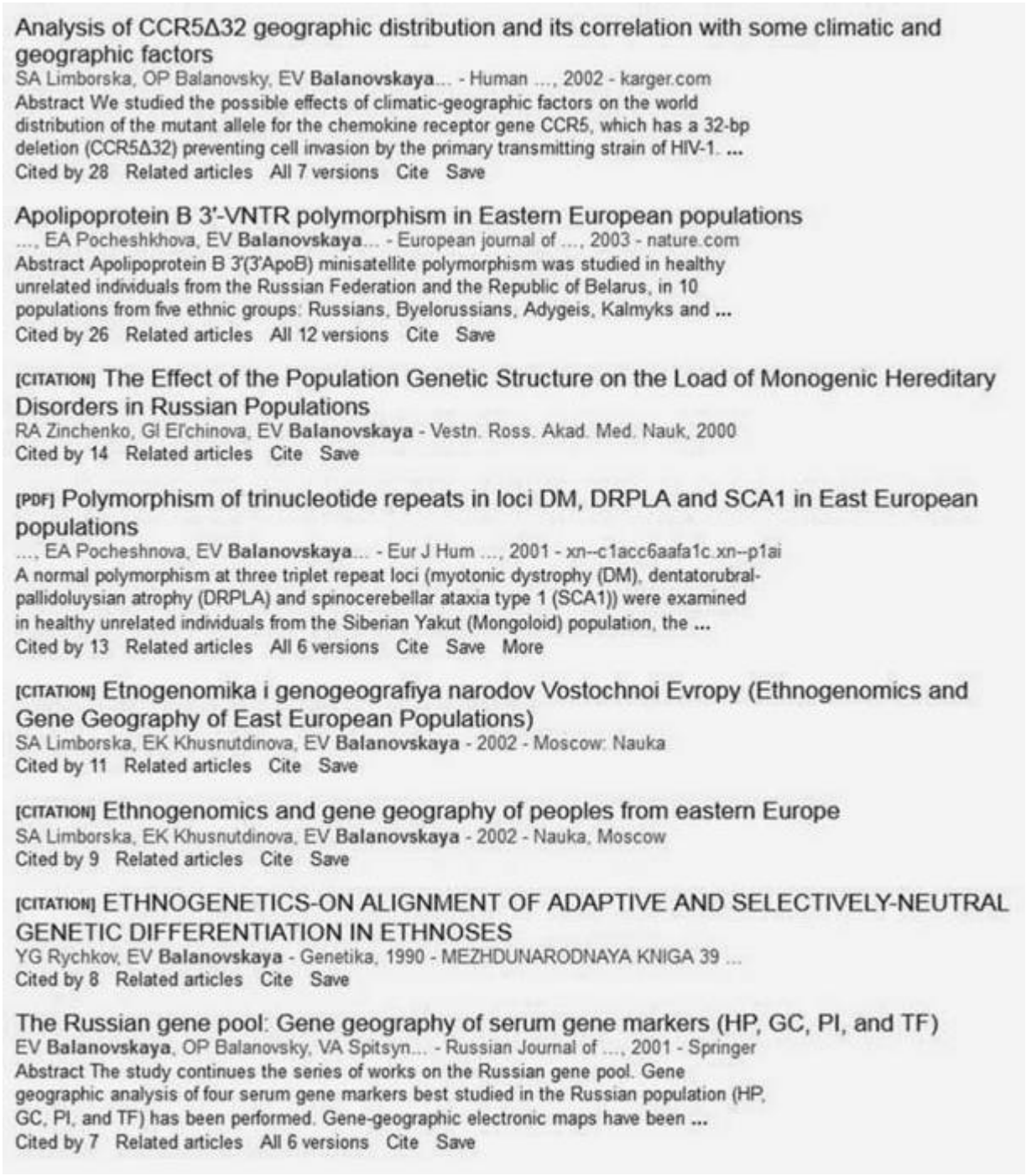
[190] https://scholar.google.com/scholar?q=Klejn&btnG=&hl=en&as_sdt=0%2C33

варианте»):

Хирш применяется к естественным и точным наукам, гуманитарные журналы почти не учитываются в исходной базе. Следовательно, мой Хирш показывает, насколько я затронул естественные науки. Признаю: мало и то случайно. Это не моя область. Второе. Хирш совершенно не учитывает монографии и где они изданы. И ссылки на них. У меня книг около сорока. Среди издателей – Оксфордский и Петербургский университеты. Третье. Хирш не учитывает переводы на основные языки, а это тоже показатель вклада в науку. Мои книги переводили в Англии, Германии, Испании, Дании, Словении, а статьи – в США и многих других странах.

Отсюда совершенно наглядна манера Клейна заниматься вербальной акробатикой, как и бесчестность. Я специально дал цитируемость на Anthony, который занимается практически той же тематикой, и Клейн это прочитал. И тут же, пытаясь извернуться, Клейн делает вид, что про Anthony ничего не знает и не слышал. Далее, индекс Хирша безусловно учитывает монографии, а где они изданы – никого не волнует. Речь о вкладе этих монографий в научные информационные потоки. У меня самая большая цитируемость – именно на монографию. У Anthony вторая по величине цитируемость – именно на монографию. Кого Клейн обмануть хочет? Ответ просто – книг у Клейна «около сорока», но на них никто не ссылается, вклада в научные информационные потоки просто нет. То же самое и о переводах книг Клейна – на них никто не ссылается, иначе это обязательно нашло бы отражение в индексе Хирша.

Надеюсь, все понимают, что с Клейном дискутировать, да и что-то обсуждать бесполезно. Он вертится как уж на вилах.



Analysis of CCR5Δ32 geographic distribution and its correlation with some climatic and geographic factors
SA Limborska, OP Balanovsky, EV **Balanovskaya**... - Human ..., 2002 - karger.com
Abstract We studied the possible effects of climatic-geographic factors on the world distribution of the mutant allele for the chemokine receptor gene CCR5, which has a 32-bp deletion (CCR5Δ32) preventing cell invasion by the primary transmitting strain of HIV-1. ...
Cited by 28 Related articles All 7 versions Cite Save

Apolipoprotein B 3'-VNTR polymorphism in Eastern European populations
..., EA Pocheshkhova, EV **Balanovskaya**... - European journal of ..., 2003 - nature.com
Abstract Apolipoprotein B 3'(3'ApoB) minisatellite polymorphism was studied in healthy unrelated individuals from the Russian Federation and the Republic of Belarus, in 10 populations from five ethnic groups: Russians, Byelorussians, Adygeis, Kalmyks and ...
Cited by 26 Related articles All 12 versions Cite Save

[CITATION] The Effect of the Population Genetic Structure on the Load of Monogenic Hereditary Disorders in Russian Populations
RA Zinchenko, GI El'chinova, EV **Balanovskaya** - Vestn. Ross. Akad. Med. Nauk, 2000
Cited by 14 Related articles Cite Save

[PDF] Polymorphism of trinucleotide repeats in loci DM, DRPLA and SCA1 in East European populations
..., EA Pocheshnova, EV **Balanovskaya**... - Eur J Hum ..., 2001 - xn--c1acc6aafa1c.xn--p1ai
A normal polymorphism at three triplet repeat loci (myotonic dystrophy (DM), dentatorubral-pallidoluysian atrophy (DRPLA) and spinocerebellar ataxia type 1 (SCA1)) were examined in healthy unrelated individuals from the Siberian Yakut (Mongoloid) population, the ...
Cited by 13 Related articles All 6 versions Cite Save More

[CITATION] Etnogenomika i genogeografiya narodov Vostochnoi Evropy (Ethnogenomics and Gene Geography of East European Populations)
SA Limborska, EK Khusnutdinova, EV **Balanovskaya** - 2002 - Moscow: Nauka
Cited by 11 Related articles Cite Save

[CITATION] Ethnogenomics and gene geography of peoples from eastern Europe
SA Limborska, EK Khusnutdinova, EV **Balanovskaya** - 2002 - Nauka, Moscow
Cited by 9 Related articles Cite Save

[CITATION] ETHNOGENETICS-ON ALIGNMENT OF ADAPTIVE AND SELECTIVELY-NEUTRAL GENETIC DIFFERENTIATION IN ETHNOSES
YG Rychkov, EV **Balanovskaya** - Genetika, 1990 - MEZHDUNARODNAYA KNIGA 39 ...
Cited by 8 Related articles Cite Save

The Russian gene pool: Gene geography of serum gene markers (HP, GC, PI, and TF)
EV **Balanovskaya**, OP Balanovsky, VA Spitsyn... - Russian Journal of ..., 2001 - Springer
Abstract The study continues the series of works on the Russian gene pool. Gene geographic analysis of four serum gene markers best studied in the Russian population (HP, GC, PI, and TF) has been performed. Gene-geographic electronic maps have been ...
Cited by 7 Related articles All 6 versions Cite Save

Посмотрим на цитируемость С. Боринской, ведущего научного сотрудника лаборатории геномных исследований Института генетики РАН. Печально, что доктор наук и «ведущий научный сотрудник» лаборатории института РАН имеет цитируемость столь низкую. Действительно, отражает кризис в РАН. Или наоборот, из-за таких, как Боринская, кризис в российской науке и имеет место[191]. Цитируемость у нее равна 10. На доктора наук никак не тянет. И это – в генетике! В геномных исследованиях!

Такая же цитируемость у чл-корр. РАН А.П. Бужиловой, индекс Хирша равен 10. Да, измельчали член-корреспонденты РАН, цитируемость на уровне доцента, да и то средненького.

Такая же цитируемость у подписанта Л. Епископосяна, генетика, доктора наук,

[191] https://scholar.google.com/scholar?q=Borinskaya&btnG=&hl=en&as_sdt=0%2C33

профессора. Индекс Хирша равен 10.

Цитируемость ниже средней и у Е. Балановской, индекс Хирша равен 8. Для доктора наук никуда не годится. У многих кандидатов наук побольше будет.

Индекс Хирша у доктора наук, генетика, подписантки О. Курбатовой равен 7. Негусто, тоже на уровне молодого кандидата наук, к тому же надежды особенно не подающего.

А вот с Касьяном, щелкопером и лжецом из Википедии, похуже будет[192]. Индекс цитирования у него равен 3. У многих аспирантов больше, чем у Касьяна. Не должен он пройти никакой переаттестации в РАН, если ее проводить как надо. Вот его «достижения» в виде списка цитирований – 27, 8, 3.

Такой же индекс цитирования у В.Ф. Кашибадзе[193] – 3. Список цитирований – 4, 4, 3.

Это для доктора наук никуда не годится. Такой, стало быть, доктор. Но не удивительно – я в одном из очерков показывал, как она подтасовывала данные, чтобы якобы показать, что ископаемые донские аланы имеют такое же строение зубов, как и кавказцы, но без указаний, какие именно кавказцы – то ли осетины, то ли карачаевцы, как будто у всех осетин или всех карачаевцев зубы одинаковые по всему этносу. Соответствующая выдержка из того очерка приведена ниже, с илюстрациями.

Доктор исторических наук, профессор, подписант Л. Яблонский? Индекс Хирша равен 6.

Столько же у доктора исторических наук, профессора, подписанта А. Козинцева, индекс Хирша 6.

Индекс Хирша доктора биологических наук, подписантки профессора Н. Годиной? Равен 5, опять уровень то ли ассистента, то ли младшего сотрудника.

---

192 https://scholar.google.com/scholar?q=A.+Kassian&btnG=&hl=en&as_sdt=0%2C33

193 https://scholar.google.com/scholar?q=V.+F.+Kashibadze&btnG=&hl=en&as_sdt=0%2C33



Secular growth trend in two generations of the Russian population
YE Dubrova, **OL Kurbatova**, ON Kholod... - Human biology, 1995 - JSTOR
A retrospective sample survey of birth certificates from a Moscow maternity hospital over a 40-year period has revealed secular growth changes (involving mothers' stature, age at menarche, and four anthropométrie traits in newborns) in two consecutive generations. ...
Cited by 28 Related articles All 5 versions Cite Save

[Genetic markers and diseases: the genetic, anthropometric and clinical characteristics of children with acute pneumonia]
IP Altukhov, **OL Kurbatova**, OK Botvin'ev, KI Afanas' ev... - Genetika, 1980 - europepmc.org
The paper presents new experimental evidence for the efficiency of an earlier developed approach (Yu. P. Altukhov, OK Botviniev, **OL Kurbatova**, 1979, Genetika, 15. No. 2) to the problem of nonspecific resistance of human organism to disease. Children suffering from ...
Cited by 15 Related articles All 2 versions Cite Save More

[CITATION] Dinamika populyatsionnykh genofondov pri antropogennykh vozdeistviyakh (Dynamics of Population Gene Pools under Anthropogenic Influences)
YP Altukhov, EA Salmenkova, **OL Kurbatova** - 2004 - Moscow: Nauka
Cited by 12 Related articles Cite Save

[Population genetics approach to the problem of nonspecific biological resistance of the human body. II. Clinical characteristics, congenital anomalies and genetic ...
OK Botvin'ev, **OL Kurbatova**, IP Altukhov - Genetika, 1979 - europepmc.org
Population genetics approach to the problem of nonspecific biological resistance of the human body. II. Clinical characteristics, congenital anomalies and genetic structure of sick children with attention to birth weight and length
Cited by 10 Related articles All 2 versions Cite Save More

[CITATION] Integral genetic characteristics of the" adaptive norm" in human populations
NP Dubinin, IP Altukhov, **OL Kurbatova**... - Doklady Akademii nauk ..., 1976 - ncbi.nlm.nih.gov
1. Dokl Akad Nauk SSSR. 1976;230(4):957-60. [Integral genetic characteristics of the "adaptive norm" in human populations]. [Article in Russian]. Dubinin NP, Altukhov IuP, Kurbatova OL, Suskov II. PMID: 1009825 [PubMed - indexed for MEDLINE]. MeSH Terms. ...
Cited by 9 Related articles All 2 versions Cite Save

[The problem of the adaptive norm in human populations]
IP Altukhov, **OL Kurbatova** - Genetika, 1990 - europepmc.org
The results of some investigations recently fulfilled in the framework of population-genetics approach to the problem of adaptive norm in human populations are summarized in this review. The main items considered are: methods of identification of morphologically" ...
Cited by 9 Related articles All 2 versions Cite Save More

Strategies of adaptation: interpopulation selection differentials
OL Kurbatova, EY Pobedonostseva... - Journal of physiological ..., 2005 - jlc.jst.go.jp
Spatial and temporal variation of selection intensities has been analyzed using published data on Crow's indices in 278 human populations, representing various anthropological types, religions, cultures and a wide spectrum of environmental conditions. Statistical ...
Cited by 7 Related articles All 5 versions Cite Save

Столько же у доктора исторических наук, подписантки Н. Дубовой – индекс Хирша равен 5.

Столько же у подписанта, антрополога В. Хартанович, индекс Хирша равен 5. Причем показательно, что даже при таком низком уровне признания научной общественностью, большая часть этого индекса приходится на статьи с огромным количеством соавторов. Каждый, естественно, получает то же самое цитирование. Новый способ жульничества в науке.



Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in the Nogays: A strong mixture of maternal lineages from eastern and western Eurasia
..., IA Kutuev, TY Korshunova, **NA Dubova**... - Molecular Biology, 2004 - Springer
Abstract Analysis of mtDNA markers in a population of the Nogays (n= 206), the people inhabiting the North Caucasus and speaking a Turkic language of the Altaic linguistic family, has revealed a high level of genetic diversity (H= 0.99). The identified haplotypes include ...
Cited by 22 Related articles All 17 versions Cite Save

Serological researches in the south of Moldavia in connection with the problem of the ethnogeny of the Gagauzes, the Moldavians and the Bulgarians
AM Varsahr, **NA Dubova**, IA Kutuyev - Anthropologischer Anzeiger, 2003 - JSTOR
With the aid of data of frequencies of genetically determined blood group systems, the authors have tried to show the basic ethno-genetic directional patterns in Southern Moldavia and in the Dniester-Carpathian-Danubian region in its entirely. Blood Groups A1A2B0, ...
Cited by 9 Related articles All 4 versions Cite Save

[CITATION] Odontologic characteristic of the ancient population of Turkmenistan (on materials of burial Bronze Age from Gonur-Depe)
GV Rikushina, **NA Dubova**, NA Suvorova - Science the person and a society: results, ..., 2003
Cited by 5 Related articles Cite Save

[Phylogeografic analysis of mitochondrial DNA Nogays: the high level of mixture of maternal lineages from Eastern and Western Eurasia]
..., IA Kutuev, TI Korshunova, **NA Dubova**... - Molekuliarnaia ..., 2003 - europepmc.org
Analysis of markers mtDNA in a population of Nogays (n= 206), living on Nothern Caucasus and speaking on language of Turkic branch of the Altaic linguistic family, has shown, that the level of their genetic differentiation is high (H= 0.99). Among the found haplotypes there is ...
Cited by 5 Related articles All 3 versions Cite Save More

[CITATION] Process of ethnogenesis on the Eurasian space (anthropological consequences of migrations and trade in Bronze Age)
NA Dubova - Esse Homo": his biological and social history. Materials ..., 2010
Cited by 5 Related articles Cite Save

[CITATION] Mercury and cadmium accumulation by Rossiulus kessleri (Diplopoda) at various levels of metals in food
AV Zhulidov, **NA Dubova** - Ekologiya (Sverdlovsk), 1988
Cited by 4 Related articles Cite Save

Skeletal remains from Buston VI–a Sapalli culture cemetery in Uzbekistan
NA Avanesova, **NA Dubova**, VV Kufterin - Archaeology, Ethnology and ..., 2010 - Elsevier
Human skeletal remains from a Bronze Age cemetery at Buston VI, southern Uzbekistan, are described. The burials date back to the Molali and Buston stages of the Sapalli culture and are relevant for reconstructing the culture of the Northern Bactrian agriculturalists. Results ...
Cited by 3 Related articles All 3 versions Cite Save

[CITATION] Near the Sources of Civilizations
MF Kosarev, PM Koshkin, **NA Dubova** - The Issue in Honor of the 75-Anniversary of ..., 2004
Cited by 3 Related articles Cite Save

Доктор исторических наук, подписант Ю. Чистов? Индекс Хирша равен 4.

Доктор наук, антрополог, подписант И. Перевозчиков? Индекс Хирша равен 3.

Цитируемость чл. – корр. РАН, подписантки А.В. Дыбо? Полюбуйтесь, индекс Хирша равен 3. Единственная статья, с С.А. Старостиным, имеет высокую цитируемость, но на то и индекс Хирша, чтобы отсечь «присоседившиеся» статьи. А остальные – цитируемость плохенького аспиранта. Вот и получается список цитирований – 141, 8, 3. Это та самая А.В. Дыбо, тюрколог, которая по ее собственному признанию не говорит ни на одном из тюркских языков. Тюркологи на карачаево-балкарской конференции только головами качали, когда она выступала. В ДНК-генеалогии не имеет ни малейшего понятия, и туда же, «осуждает ДНК-генеалогию».



Цитируемость подписантки М.М. Герасимовой? Пожалуйста, индекс Хирша равен 2.

Хотите полюбоваться на цитируемость антрополога, подписанта Д. Пежемского? Пожалуйста, там не только цитируемости нет, но нет и самих статей, кроме первых трех, с мизерным цитированием. На остальные несколько статей ссылок вообще нет. Индекс Хирша равен 1:



[CITATION] Paleoantropologicheskiye materialy maikopskoi epokhi iz Tsentralnogo Predkavkazya
MM Gerasimova, DV **Pezhemsky**, LT Yablonsky - Materialy po izucheniyu istoriko- ..., 2007
Cited by 2 Related articles Cite Save

[CITATION] Irkutsk chronicle (chronicles of PI **Pezhemsky** and VA Krotov)
II Serebrennikov - Transactions of East Siberian Department of the ..., 1911
Cited by 2 Related articles Cite Save

[CITATION] Irkutsk chronicle 1857–1880 (continuation of the chronicle of PI **Pezhemsky** and VA Krotov)
NS Romanov - Transactions of East Siberian Department of the ..., 1914
Cited by 2 Related articles Cite Save

Biological diversity and population history of Middle Holocene hunter-gatherers from the Cis-Baikal region of Siberia
..., VY Bakholdina, DV **Pezhemsky** - American journal of ..., 2014 - Wiley Online Library
ABSTRACT In the past decades, prehistoric hunter-gatherers of the Cis-Baikal region has been a subject of multidisciplinary research. In this study, we used nonmetric cranial traits to assess the genetic relationships between various spatial and temporal groups of Cis- ...
Related articles All 3 versions Cite Save

The problem of informativeness of skeletal remains in poor state of preservation
DV **PEZHEMSKY** - cat.inist.fr
Résumé/Abstract The article deals with the informativeness of palaeoanthropological remains in poor state of preservation. A question is raised concerning thoroughness of collecting bone remains during archaeological excavations. The possibilities of ...
Cite Save More

Wooden Pectoral Cross from a Burial at the Spassky Necropolis of the 18th Century in Irkutsk
IM Berdnikov - Archaeology, Ethnology and Anthropology of Eurasia, 2011 - Elsevier
... Pogrebalnyi obryad srednevekovoi Rusi XI–XVI w. Moscow: Radunitsa. **Pezhemsky**, 2003; **Pezhemsky** DV 2003. Puti obyektivizatsii stavrograficheskikh issledovanii. ... 333-344. **Pezhemsky**, 2005; **Pezhemsky** DV 2005. Puti obyektivizatsii stavrograficheskikh issledovanii, pt. II. ...
Related articles All 2 versions Cite Save

The Maikop crania revisited
AA Kazamitsky - Archaeology, Ethnology and Anthropology of Eurasia, 2010 - Elsevier
... In a brief note, MM Gerasimova, DV **Pezhemsky**, and LT Yablonsky (2002) described several Maikop crania from burial grounds on the Kalaus River in the Stavropol Region. ... Mosk. Gos. Univ. Gerasimova et al., 2002; Gerasimova MM, **Pezhemsky** DV, Yablonsky LT 2002. ...
Cited by 1 Related articles All 3 versions Cite Save

Mesolithic complex with a wolf burial in the Baikal regionUn complexe mésolithique comprenant une tombe avec un loup dans la région de Baïkal
VI BAZALIISKI, RJ LOSEY, DV **PEZHEMSKY**... - cat.inist.fr
Résumé/Abstract The article gives a detailed analysis of an unusual burial located in the Cis-Baikal region of Siberia on the bank of the river Angara in the Irkut estuary. It included an intentionally buried wolf, a human skull and scattered human bones as well as various ...
Cite Save More

Генетик Тетушкин? Индекс Хирша равен 2.

У подписанта Волкова цитируемости вообще нет. Как и у доктора исторических наук Ю. Чистова. Как и у подписанта Соколова, который представляется как «журналист». Как и у «этнолога», подписанта Ю. Юсупова. То же самое и у «журналиста» подписантки Маркиной, которая публикует лживые статьи в сетевых изданиях под названиями типа «Провал ДНК-генеалогии в РАН», когда не только «провала» не было, но организаторов агрессивной атаки на ДНК-генеалогию изгнала из зала заседаний, и больше они на конференции не появлялись, чтобы избежать дальнейшего позора.

И такая же картина практически по всем подписантам того позорного «письма 24-х». Что, в общем, закономерно – ущербные «ученые», ничего из себя не представляющие, устраивают охоту, как им представляется, на новое направление в науке. И чего бы по настоящему успешным людям науки устраивать «охоту на ведьм», «охоту» бесцеремонную, наглую в своей лживости и передергиваниях?

О чем вообще говорить? Откуда эти доктора и кандидаты наук перевозчиковы, яблонские, балановские, боринские, клейны, козинцевы, годины, дубовы, касьяны,

хартановичи, кашибадзе, чистовы, дыбо, герасимовы, пежемские берутся? Стыд и позор. Всех этих подписантов, мизерных личностей в науке, перечислять мне удовольствия не доставляет, скорее презрение, но – «мы поименно вспомним тех, кто поднял руку». Как аукнется, так и откликнется. Приведем пример.

Как антрополог, доктор наук В. Кашибадзе «показывала» аланов как предков то ли карачаевцев, то ли осетин

В. Кашибадзе – одонтолог, то есть специалист по особенностям зубочелюстной системы. Это – один «привходящий фактор» в историю, о которой сейчас расскажу. Другой – это загадка, кто же являются потомками древних алан – карачаевцы, осетины, или ингуши? Или кто другой из современных этнических групп? Все перечисленные претендуют на то, что их предки – аланы. Над решением этой загадки столетиями бьются историки, археологи, лингвисты, и решения пока нет. Но некоторые исследователи постулировали, что загадка уже давно решена, и ясно, что это ингуши (там мне пишут из Ингушетии), что это осетины (так мне пишут из Осетии), и что это, без сомнения, карачаевцы (так мне пишет известный карачаевский ученый). И каждый пишет, что загадка давно решена, а пишут мне потому, что к поиску ответа на этот вопрос подключилась и ДНК-генеалогия. Всем перечисленным хочется, чтобы ДНК-генеалогия подтвердила именно их версию.

Но в то же время для них подтверждение важно, если подтвердит именно их версию. А если подтвердит другую – то это не так важно, ответ-то они все равно давно знают. Вот такая ситуация. Довольно типичная в исторических и прочих сопутствующих науках.

И вот доктор наук Кашибадзе делает простой ход. Ей просто нужно сравнить характеристики зубочелюстной системы ископаемых алан (точнее, кого считают ископаемыми аланами, которые относятся к «скифскому кругу»), с одной стороны, и карачаевцев, осетин или ингушей, или прочих кавказцев, с другой, и тут же вопрос решить. И работа будет яркой, и научное признание там же, и станет героем соответстветствующей этнической группы. Плохо ли?

Но доктор наук Кашибадзе должна понимать, что четкий ответ на поставленный вопрос будет получен только тогда, когда

(1) у всех карачаевцев строение зубочелюстной системы одинаково, и безошибочно отличается от таковой у осетин и ингушей,

(2) у всех осетин строение зубочелюстной системы одинаково, и безошибочно отличается от таковой у карачаевцев и ингушей, (3) то же самое нужно будет сказать про всех ингушей, самих по себе и с сравнениии с другими кавказцами, и (4) то же самое нужно сказать и про ископаемых алан, и показать, что строение зубочелюстной системы у них одинаково между собой, и четко коррелирует с таковым или у карачаевцев, или у осетин, или у ингушей, или у других четко охарактеризованных кавказцев.

Понятно, что в таком виде задача нереальная. Другими словами, она нерешаема. Если бы именно так доктор наук Кашибадзе сказала, и показала бы это на примерах, вопросов бы к ней не было. Возможен, впрочем, вариант, в науке тоже вполне приемлемый – показать, что хоть как-то, хоть что-то, хоть где-то дает хотя бы косвенные данные, позволяющие выдвинуть хоть какую-то гипотезу, и наметить пути ее дополнительной проверки. Это уже был бы плюс в патовой ситуации про алан. Но это же ведь не то, что виделось доктору наук Кашибадзе, не так ли? И работа яркой не будет, и научного признания не особенно, и героем этноса не станет. Нет, так не пойдет.

Обычно у тех «в науке», кто хочет яркости, признания и геройства, но не тянет ни на одно, ни на другое, ни на третье, дальше рано или поздно появляется термин «подтасовка». Вот и посмотрим, можно ли этот термин отнести к тому, как «решила задачу» доктор наук Кашибадзе.

Началось мое небольшое расследование с того, что я получил письмо от крупного карачаевского историка, который написал: «*Замечу, что по данным одонтологии, в Карачае*

среди средневекового и современного населения есть так называемые бугорки на молярах, свойственные для зубов погребенных алан, что резко отличает карачаевцев от народов Кавказа, в том числе осетин, а также половцев». Надо добавить, что это тот самый историк, который считал, что карачаевцы точно потомки алан, и никакие другие данные или выводы это не изменят. Потому я отнесся к его информации с известной долей скептицизма. Я ответил историку, что это очень интересное наблюдение, если, конечно, верное, потому что в столь «обобщенных» выводах часто «срезаются углы». Вряд ли карачаевцы столь однородны по своей антропологии, в частности, зубочелюстной, как и остальные народы Кавказа, как и аланы, осетины, половцы, у которых должны быть четко другая одонтология, чтобы делать такие заключения по отношению ко всем (или большинству) карачаевцев, и насколько репрезентативны эти исследования? Как они вообще проводились?

В ответ я получил только то, что упомянутые данные одонтологии правильны, потому что верны, что-то в таком духе, и потому, что это надежные данные от специалиста Кашибадзе. Стало понятно, что таким путем задача решена быть не может, но возник и вопрос, что за специалист такой Кашибадзе.

Тогда я обратился с этим вопросом к известному археологу, специалисту по аланам, который занимается ими уже 50 лет, и он ответил: «К *сожалению, не знаю работ, в которых проводилось сопоставление одонтологических характеристик алан и карачаевцев* ». Стало ясно, что уважаемый карачаевский историк просто обрисовал некое мнение, не вдаваясь в детали, которые, впрочем, вряд ли можно было ожидать в формате электронного письма. Бугорки на молярах есть у всех, поэтому речь может идти только о каких-то особенностях бугорков на молярах карачаевцев и алан, и, наверное, не только о них, а о целом комплексе признаков. В общем, так и оказалось, и оказалось далеко не так однозначно и просто. Да это и понятно, в таких делах просто не бывает. Надо разбираться – аланы ли это были, у всех ли там найдены некие особые бугорки, или только у одного-двух из многих, у всех ли карачаевцев найдены такие же бугорки, или только у одного-двух из многих, и есть ли такие бугорки у осетин и других народностей Кавказа и мира. Вариантов ответов там может быть множество, но должен быть всего один вариант, который может согласоваться с корректным решением задачи, с тем, что у алан необычные бугорки на молярах, и что такие бугорки есть только у карачаевцев. Более того, задачу таким путем делает нерешимой и то, что у ископаемых алан к настоящему времени обнаружены разные гаплогруппы – R1a и G2a (из двух разных аланских захоронений IV и V–VI вв, соответственно), и еще G2a из еще одного захоронения VIII–IX вв, отнесенного к донским аланам. Плюс в салтово-маяцких захоронениях, тоже часто относимых к аланам, найдены гаплогруппы R1a, G и J2a (все VIII–IX вв)[194,195]. Здесь уместно сообщить, что у осетин на 70–75 % гаплогруппа G2a, у карачаевцев на треть гаплогруппа R1a и на треть G2a, у ингушей на 80 % гаплогруппа J2a. То есть сама постановка вопроса, что одонтология ископаемых алан (какой гаплогруппы?) однозначно определит, кто были их потомки (какой гаплогруппы? Какого этноса?) является некорректной. Да, но не для доктора наук Кашибадзе.

В ходе предварительного изучения этого вопроса я ознакомился с рабочим отчетом 2013 года об одонтологических исследованиях (то есть исследованиях зубочелюстной системы) донских алан («катакомбников») и булгар-«ямников» (их еще специалисты порой называют «псевдобулгарами). В отчете указывалось, что в могильнике Ржевка (в лесостепном регионе) выявлен одонтологический «аланский кластер», «говорящий о

194 Афанасьев, Г.Е., Вень, Ш., Тун, С., Ван, Л., Вэй, Л., Добровольская, М.В., Коробов, Д.С., Решетова, И.К., Ли, Х. (2015)Хазарские конфедераты в бассейне Дона (археологические, антропологические и генетические аспекты). Краткий отчет по проекту РФФИ 13-06-12010-офи-м.

195 Афанасьев, Г.Е., Добровольская, М.В., Коробов, Д.С., Решетова, И.К. (2014) О культурной, антропологической и генетической специфике донских алан. В сб. «Е.И. Крупнов и развитие археологии Северного Кавказа». М.,стр. 312–315.

европеоидном происхождении», «в отличие от индивидов из ямных погребений, среди которых присутствует примесь восточного одонтологического типа». Я это истолковываю как еще одно свидетельство, что часть предков донских алан гаплогруппы G2a прибыли из Европы, к чему мы уже пришли при анализе их гаплотипов гаплогруппы G2a, но у них нет никакого сходства с гаплотипами гаплогруппы G2a ни с карачаевцами, ни с осетинами[196].

Пойдем дальше, и посмотрим, что мне удалось установить в отношении моляров, бугорков, аланов, карачевцев, осетин и прочих. Итак, начнем с азов, то есть с моляров. Это – большие коренные (жевательные) зубы. Коронки моляров характеризуются определенным рельефом, который формируется из возвышений и углублений. Возвышения представлены бугорками, гребешками и валиками. Обычно на первых нижних молярах есть пять бугорков, на первых верхних – четыре бугорка, но есть и вариации в количестве бугорков. Помимо того, часто на первом верхнем моляре есть еще дополнительный бугорок, который называется бугорком Карабелли. Учебники по анатомии зубов человека пишут, что он встречается в среднем в 60 % случаев, и мы к этому еще вернемся.

Естественно, морфология зубов как важный антропологический показатель значительно варьируется у людей на Земле, и есть вариации межрасовые и внутрирасовые. Это не могло не привлечь внимания антропологов, и одонтологические показатели ископаемых зубов и челюстей, и сопоставление показателей с таковыми для современных людей является важной частью физической антропологии. Видимо, самым крупным специалистом по изучению одонтологических особенностей населения Кавказа сейчас считается В. Кашибадзе, которая в 2007 году защитила докторскую диссертацию по этой теме. Надо сказать, что тема сложная и неоднозначная, и материал анализируется принятым у биологов способом, когда проводится «компонентный анализ». При этом измеряются выбранные признаки, например, показатель скученности зубов («краудинг»), промежутки между зубами (диастема), степень лопатовидности зубов, частота бугорка Карабелли и так далее, основных признаков более десятка, далее комбинируют целый ряд признаков по группам, придавая им некие коэффициенты, и откладывают полученные суммарные показатели на двумерных диаграммах. Точки пересечений группируются по суммарному признаку «похожести». Иначе говоря, принимается, что если «1 компонента», в которую входит комбинация из десятка показателей, близка у двух популяций, и «2 компонента», в которую входит комбинация из десятка других показателей, тоже близка у тех же двух популяций, то есть если две эти популяции оказались рядом в виде двух точек на графике, то они «похожи». «Похожесть» и есть главный критерий в таких «компонентных исследованиях». Собственно, точно так же работают и популяционные генетики, которые тоже строят подобные «компонентные диаграммы». Вот – показательный пример из работы В.Ф. Кашибадзе (рис. 62).

Конечно, не исключена такая комбинация факторов, при которой показатели компенсируются, и точка на диаграмме уходит «не на свое место», но на то и специалисты, чтобы такие ситуации отслеживать и контролировать. Так что будем считать, что специалисты знают, что делают, и что диаграмма выше и подобные ей отражают что-то, имеющее глубокий смысл. Хотя надо понимать, что конкретные показатели скачут в широких пределах, а при суммировании в «компоненту» исследователи погрешности не указывают. У биологов это не очень принято. Но когда смотришь на серии данных, которые скачут как хотят, а погрешности не приведены, то поневоле теряется доверие к такому способу подачи материала. Вот, например, частота встречаемости бугорка Карабелли по раскопкам в Жинвали, на реке Арагви, в 50 км на север от Тбилиси:

Античный период 75.0%
Ранний феодализм 28.6%

196 http://pereformat.ru/2014/09/don-alans/, http://pereformat.ru/2014/10/alans-baktria/.

Средний феодализм 43.9%
Поздний феодализм 80.0%
XIX–XX вв. 100%

(Помните, учебник сообщал в среднем о 60 %-ной частоте бугорка Карабелли?)

Что за причины динамики в табличке выше? Спонтанные изменения? Прибытие нового населения? Погрешности измерений и усреднений?

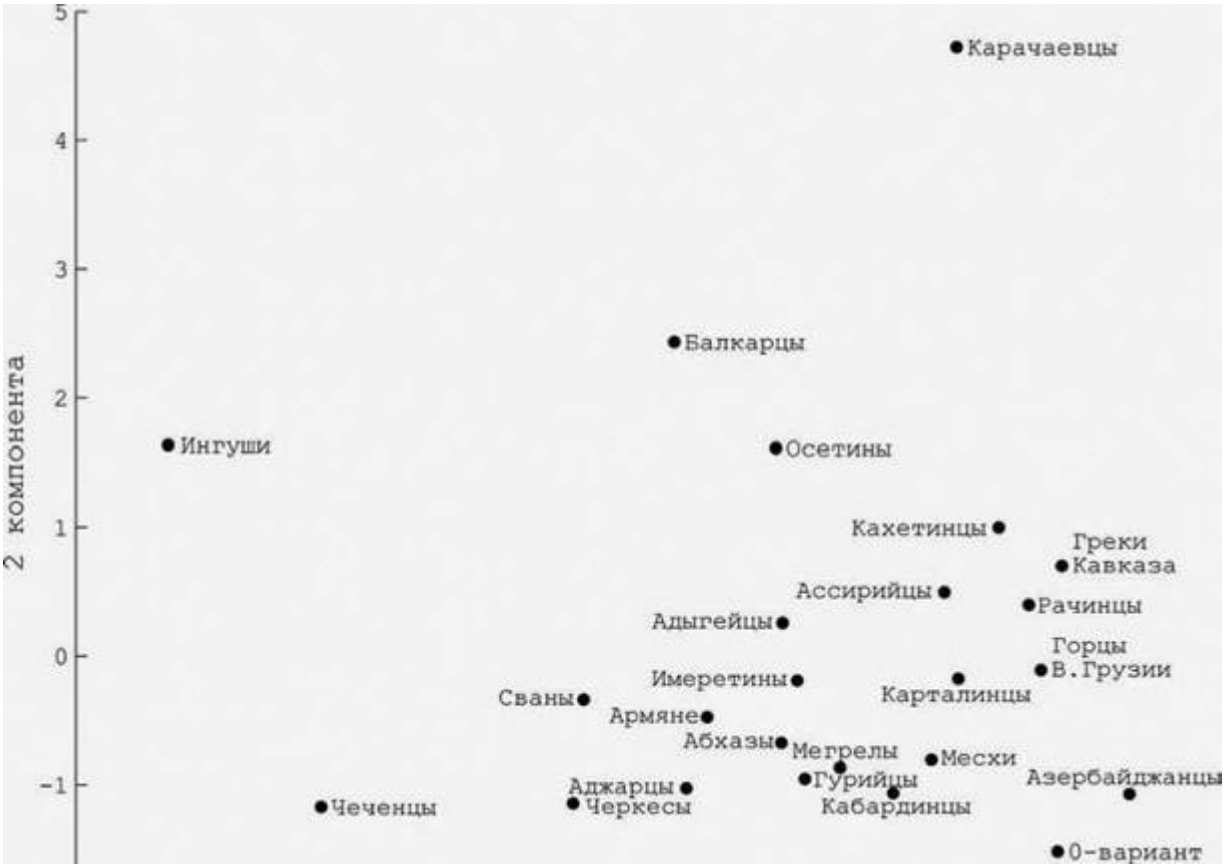


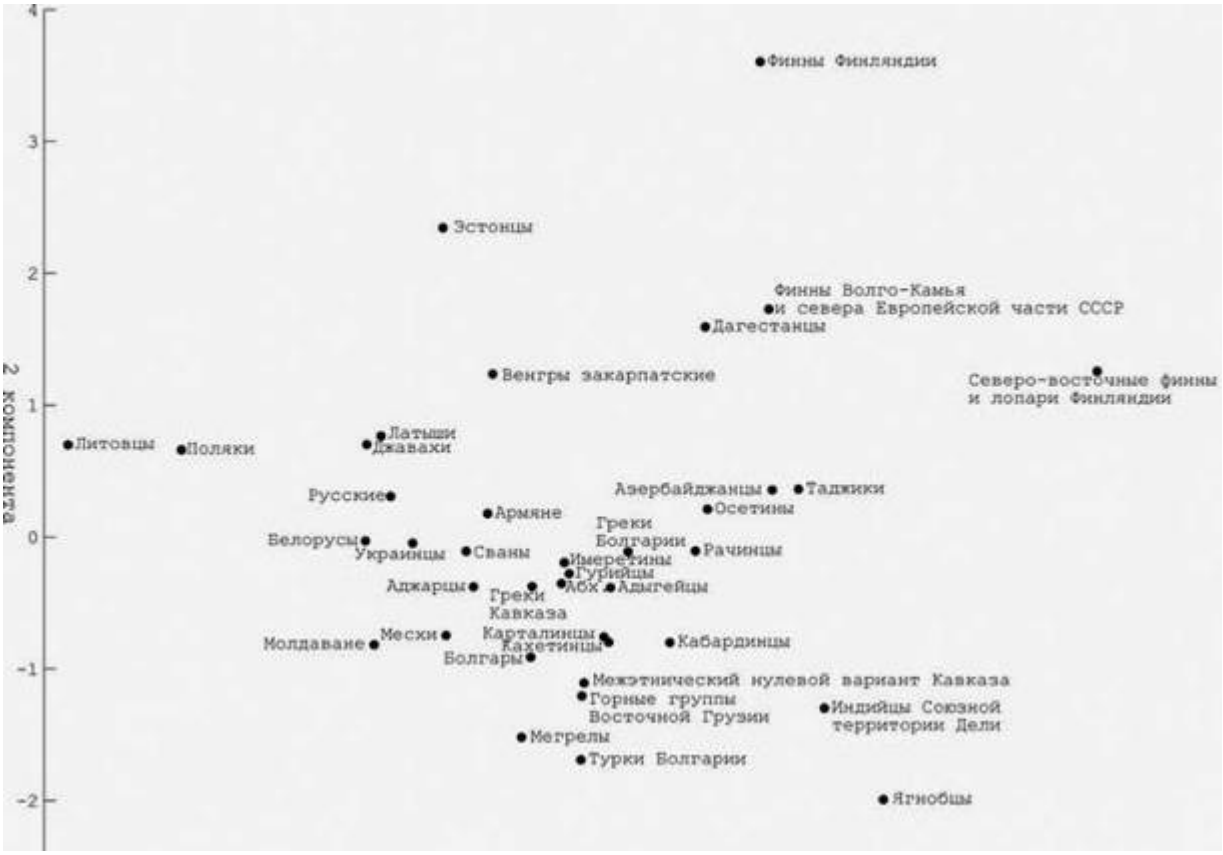
Рис. 62. Положение современных популяций Кавказа в пространстве первой и второй главных компонент (автореферат дисс. докт. биологических наук В.Ф. Кашибадзе «Кавказ в антропоисторическом пространстве Евразии (одонтологическое исследование)». По горизонтальной оси – «1 компонента»-, в которую входят, в частности, «признаки восточной ориентации – дистальный гребень тригонида, лопатообразные резцы и коленчатая складка метаконида». В «2 компоненту» входят, в частности, четырехбугорковые первые нижние моляры и бугорок Карабелли. Примечание: горизонтальная ось (1 компонента) из источника не копируется. Диапазон значений там от -5 (слева) до +2.5 (справа).

Мы видим, что на рис. 62 карачаевцы уходят далеко от всех. Самих данных в публикациях нет, число обследованных человек неизвестно, в таблицах в работе, где приведен этот график, карачаевцы вообще не упомянуты. Как объясняет автор это резкое отклонение? Вы не поверите, но вероятным происхождением от алан. Цитата: *«Максимальное межпопуляционное разнообразие в кавказском масштабе показывают группы с территории Северного Кавказа, что может свидетельствовать в пользу включения в их одонтологический статус инородных элементов, в том числе аланского, и сложности процессов расо– и этногенеза этих групп».*

Смотрим в таблицы. Аланы есть (Дмитровская, Подонье), есть частота бугорка Карабелли (43.7 %), есть «1 компонент» (0.2), есть «2 компонент» (-0.6), но нет карачаевцев и

осетин[197]. А там где есть карачаевцы и осетины (см. рис. 62), нет алан, сравнить невозможно. И сами значения «компонент» на каждой диаграмме разные, на рис. 62 осетины имеют координаты «1 компонент» (-0.2), «2 компонент» (1.6), а на рис. 63 они имеют «1 компонент» (1.2), «2 компонент» (0.2). И пояснений нет, почему так. Но на рис. 63 (см. ниже) мы видим, что осетины вовсе не стоят особняком, они в группе с таджиками, азербайджанцами, греками, рачинцами Грузии. На рис. 64 ситуация опять поменялась, осетины все еще с азербайджанцами и рачинцами, но греки и таджики ушли далеко. То есть «похожесть» при таком подходе величина переменная. Это, конечно, не способствует надежности анализа, поскольку при случайной суперпозиции факторов в «компонентах» можно получить на диаграмме что угодно.

Поясню. Похожесть есть похожесть, если использовать это как основной критерий. Она должна быть воспроизводимой, иначе это не похожесть. Если, например, у алан частота бугорка Карабелли совпадает с таковой у некой кавказской популяции, но у алан полно промежутков между зубами, а у той кавказской популяции зубы превосходные, то при одной комбинации факторов они с этой популяцией похожи, при другой комбинации они расходятся. Ясно, что с прямым происхождением этой популяции от алан уже проблемы. Иначе говоря, совпадение ряда признаков может быть случайным, а мы ищем системную похожесть. Не может быть так, чтобы при построении в одной диаграмме две популяции похожи, а в другой диаграмме эти две популяции разные, а мы все равно считаем их системно «похожими». А что если бы первую диаграмму не построили? Или не построили бы вторую? Или построили бы одну третью? Во всяком случае, это должно обсуждаться и оговариваться, и выдвигаться в виде альтернативных предположений и гипотез. Именно потому метод PCA, или «метод главных компонент» критикуется многими специалистами, и рассматривается по аналогии со сравнением средних температур по больницам.



197 В.Ф. Кашибадзе. Одонтологические данные к антропологической истории Кавказа. Этнографическое обозрение, № 5, 2006, 117–133.

Рис. 63. Положение изученных популяций Евразии в пространстве первой и второй главных компонент (Автореферат дисс. докт. биологических наук В.Ф. Кашибадзе). Примечание: горизонтальная ось (1 компонента) из источника не копируется. Диапазон значений там от -4 (слева)до +4 (справа).

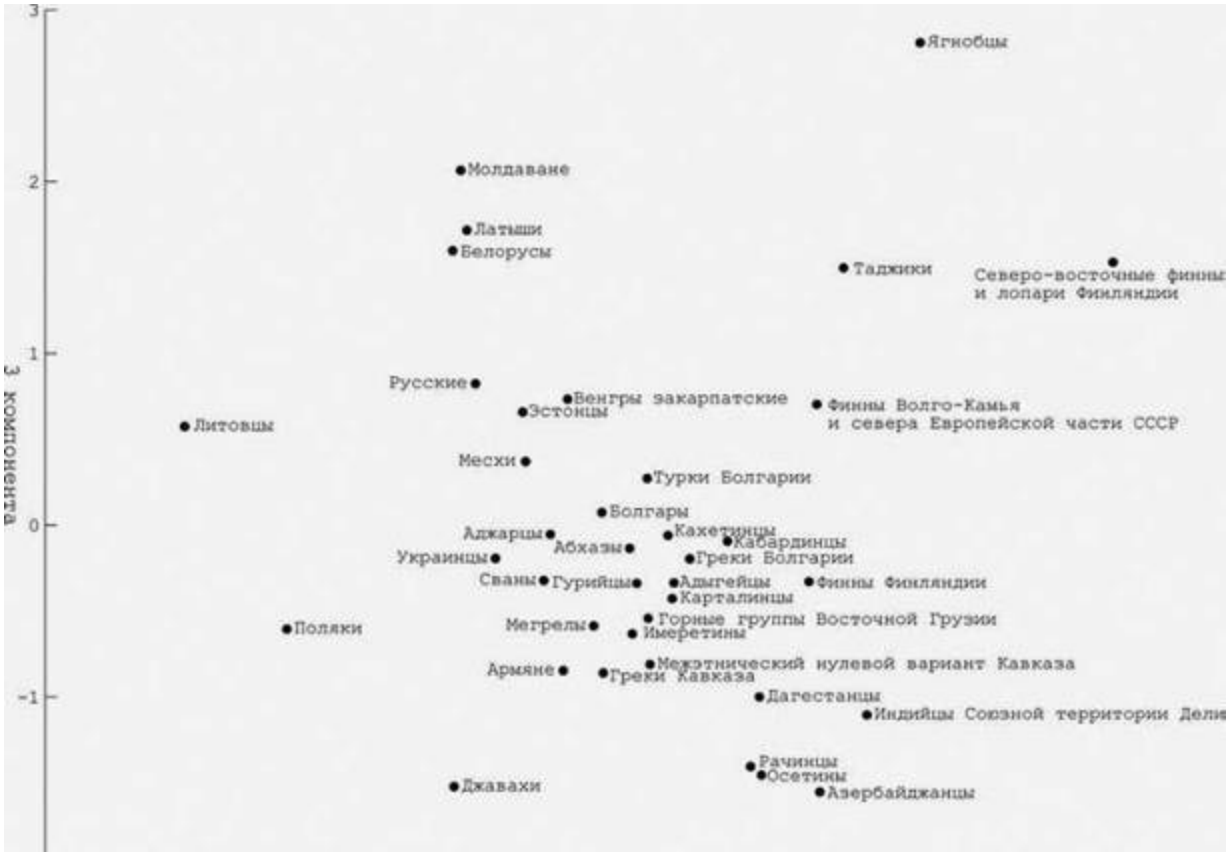


Рис. 64. Положение изученных популяций Евразии в пространстве первой и третьей главных компонент (Автореферат дисс. докт. биологических наук В.Ф. Кашибадзе). Примечание: горизонтальная ось (1 компонента) из источника не копируется. Диапазон значений там от -4 (слева)до +4 (справа).

И вдруг – вывод: *Можно сделать вывод о присутствии аланского элемента у осетин в нарастающей к северу пропорции.* Вот как – уже в пропорции, нарастающей в определенном направлении! И дальше: *Наличие аланского фенетического комплекса в одонтологическом статусе ряда северокавказских групп было выявлено нами при проведении компонентного анализа. Кроме осетин, он был выявлен также у балкарцев, карачаевцев и ингушей. Очевидно, этот комплекс является существенным формообразующим элементом.*

Как, откуда?

И далее – загадочная фраза: *Значительно больший состав групп с возможной аланской составляющей, чем тот, что был выявлен в поле двух главных компонент, представляется вполне закономерным фактом, поскольку само сложение второй («аланской») компоненты возможно лишь при ее значимом вкладе в общую популяционную изменчивость.*

Ну, знаете… Это что, наука?

Но польза от такого беглого рассмотрения есть. Уже ясно, что к положению *«по данным одонтологии, в Карачае среди средневекового и современного населения есть так называемые бугорки на молярах, свойственные для зубов погребенных алан, что резко отличает карачаевцев от народов Кавказа, в том числе осетин, а также половцев* » надо относиться с скептическим (мягко говоря) пониманием. Данных по Карачаю в отношении

особых бугорков на молярах найти не удалось, ни по средневековому населению, ни по современному, как и то, что они свойственны для зубов погребенных алан. Напомню, что по приведенным данным у алан частота бугорка Карабелли (это, видимо, и есть «свойственные для зубов») 43.7 %, совершенно обычная для других популяций величина, как и все остальные одонтологические признаки алан, все как у всех, судя по приведенным таблицам. По половцам данных вообще найти не удалось. Но уже понятно, что сравнивают комплексы данных, а не отдельные бугорки на молярах, и картина значительно более сложная и менее однозначная, чем это может представиться. Рискну сделать заключение, что эти онтодологические данные в дискуссию о происхождении алан вообще вряд ли стоит привлекать. Идентификация гаплогрупп и гаплотипов – несравненно более информативный и надежный критерий.

Но доктор наук Кашибадзе, как выясняется, другого мнения. Никого ответа на вопрос она не получила. Фраза *«кроме осетин, он был выявлен также у балкарцев, карачаевцев и ингушей»* никакого ответа не дает, а фраза *«свойственные для зубов погребенных алан, что резко отличает карачаевцев от народов Кавказа, в том числе осетин»* уважаемого карачаевского историка показывает, что его просто обманули. Возможно, и сам обманулся, при такой «подаче данных» доктором Кашибадзе. Но что особенно показательно, Кашибадзе подписала то позорное письмо против ДНК-генеалогии. То, что ДНК-генеалогия оперирует несравненно более надежными и объективными данными, ей не подходит. Надо «держать и не пущать». Вполне возможно, что Балановская доктора наук Кашибадзе просто подставила, обманула, а та подметное письмо «подмахнула». Чем это тогда отличается от 1930-х годов? 1950-х? И более поздних времен, покрывших подписантом позором, особенно, когда подписанты относятся вроде как к «людям науки»?

Есть им над чем подумать.

Перейдем к самому письму.

Цитаты из «письма 24-х» и комментарии

Желающие могут ознакомиться с письмом по соответствующей ссылке в Википедии. Здесь будут даны комментарии, показывающие лживость самого письма и ничтожество их подписантов. Естественно, каждую строку я комментировать не буду, хотя передергивания и искажения есть в каждой из них. Буду комментировать только принципиальные положения.

– (А.А. Клёсов) *утверждающий, что он создал новую науку, которая по формулам химической кинетики реконструирует историю народов.*

Неверно и умышленно передернуто. Это все равно, что «критически» написать, что археолог по лопате реконструирует историю народов. Или что атомная бомба убивает людей временем полураспада изотопов, а те, кто ее сбросил – не при чем. Но лопата в самом деле важный инструмент у археологов, а радиоактивное излучение определенной мощности в самом деле убивает. В ДНК-генеалогии формулы химической кинетики адаптированы к динамике возникновения мутаций в Y-хромосоме, и это в свою очередь позволяет вычислять времена жизни общих предков (мужских) популяций.

Например, в ответе на Вопрос 93 был приведен пример, когда в ископаемых 14 гаплотипах якутов (в 17-маркерном формате), погибших по оценкам 200–600 лет назад, было найдено 20 мутаций от ископаемого же базового гаплотипа гаплогруппы N1c1, что дает 20/14/0.0365 = 39 → 41 условных поколений, то есть 1025±250 лет до смерти описанной группы якутов, или суммарно 1225–1625 лет назад. Это то же самое время, что и для датировки общего предка современных якутов (1400±130 лет назад). Иначе говоря, это та же самая популяция якутов, только разделенная по времени несколькими столетиями. Можно ли говорить, что «по формулам химической кинетики» здесь «реконструирована история» якутов? Нет, конечно, но подходы химической кинетики здесь помогли рассчитать, когда жил общий предок современных якутов гаплогруппы N1c1, причем по двум принципиально

разным выборкам – ископаемых и современных. Это в свою очередь позволяет продвинуться в понимании истории якутов гаплогруппы N1c1, и убедиться, что современные мужчины-якуты ведут свое начало от относительно недавнего общего предка. Это – очередной кирпичик в изучение истории якутского народа. Зачем Балановской (как принципиальному автору письма) нужно было сводить этот важный вопрос к примитивной и глупой профанации, а остальным это подписать – в общем, понятно. Надо было нагородить частокол профанации, создать театр абсурда, авось, сойдет. Не сошло.

– Ученые обеспокоены не столько активной пропагандой А. А. Клёсовым его псевдонауки…

Я оставляю читателям самим взглянуть, где там есть «псевдонаука» в более чем ста вопросах и ответах в первой части этой книги, которые составляют базис и иллюстрации методологии и принципов ДНК-генеалогии. Ответ просто – никакой «псевдонауки», о чем без остановки повторяют Балановские, видимо, считая, что чем чаще глупость повторять, то больше вероятность, что она, глупость, кого-то зацепит.

– ...трактующего историю народов на основе методов химической кинетики вопреки фактам, надежно установленным антропологами, генетиками, лингвистами и историками…

К сожалению, ни одного примера подписанты не дали, какие «факты» там «надежно установлены», и в чем ДНК-генеалогия дала новую трактовку. Собственно говоря, в столь общем виде вопрос обсуждать бессмысленно. Или авторы действительно считают, что наука не развивается, не появляются новые факты и трактовки? И вообще, обратите внимание на демагогию и бессмысленность процитированной фразы. В этом – Балановская, и в этом все подписанты.

– Докладчик А. А. Клёсов известен публике утверждением в фильме Михаила Задорнова, что история славян насчитывает 9 тыс. лет и от них произошли скандинавы[1].

Что за ссылка? А это пересказ некого Е. Пчелова, в следующем виде: *«В Гарвардском университете Задорнов встретился с д.х.н. А. А. Клёсовым, который уверил автора фильма в том, что славяне – чуть ли не древнейший народ Европы, история которого насчитывает 9 тысяч лет, и даже, более того, сами скандинавы произошли от славян».* Начнем с того, что в Гарвардском университете я с М.Н. Задорновым не встречался, просто не было такого события. Во вторых, ни в чем я автора фильма не уверял, более того, когда у меня в Бостоне брала интервью нью-йоркская группа телевидения, то я и понятия не имел, куда это интервью пойдет. Сказали бы, что в фильм М.Н. Задорнову – замечательно, я бы с удовольствием согласился. Я не уверен, что остальное в цитате выше – не очередные фантазии Пчелова, но ни в одной научной публикации у меня нет того, что дано в «цитате». То, что история славян насчитывает 9 тыс лет – звучит несколько забавно, но зависит от того, какое давать определение «истории славян». Напомню, что школьные учебники «История СССР» начинались с каменного века. Что делать будем? То, что от славян произошли скандинавы – у меня нигде не было и быть не могло. Это вообще разные исторические периоды. Зачем эта ложь понадобилась? В общем, тоже понятно, см. выше. Чем больше ложь, тем скорее в нее поверят. Напомнить, чей это принцип? Вот-вот.

– Мы все знаем, что фильмы могут исказить слова ученого и необходимо смотреть его публикации в научных журналах. Но в случае с А. А. Клёсовым это проблематично. Первое верно, второе опять ложь. Балановские это постоянно повторяют, что у меня нет научных публикаций по тематике ДНК-генеалогии. Однако, см. http://dna-academy.ru/papers/

– ...журнал (Advances in Anthropology, главный редактор А. А. Клёсов, издается

Scientifc Research Publishing) не входит в общепризнанные базы научной периодики, зато входит в список подозрительных изданий, зарабатывающих взиманием платы за публикацию чего угодно[2].

Ложь опять. Приведенная ссылка – на так называемый Beall's List, в котором перечислены «потенциально, возможно, или вероятно хищнические издания в открытом доступе». Но журнала Advances in Anthropology («Успехи Антропологии») среди них нет и никогда не было. Это легко убедиться из списка по ссылке на Beall's List:

- Acta Scientifica
- AD Publications
- Ada Lovelace Publications
- Advance Educational Institute & Research Centre (AEIRC)
- Advance Journals
- Advanced Institute of Convergence Information Technology (AICIT)
- Advanced Journals
- Advance Research Publications
- Advanced Research Journals
- Advanced Scholars Journals
- Advanced Science and Engineering Technology Institute (ASET)
- Advanced Science Research Journals
- Advancement and Development in Technology International (Aditi)
- Advancements in Science
- AENSI (American-Eurasian Network for Scientific Information)
- African Research Review (AFRREV)

– ...прикладная отрасль генетики получила название генетической генеалогии, хотя в России чаще называлась «ДНК-генеалогия».

Опять ложь. Не называлась она в России ДНК-генеалогией. Это название я ввел в 2006 году на сайте «Родство», и в 2007 году в ранних рассказах «Хинди-Руси бхай-бхай с точки зрения ДНК генеалогии, или откуда есть пошли славяне»[198], и «Иосиф и его братья»[199].

– … он добавляет к одному из методов генетических датировок несколько формул [3].

К сожалению, авторы и подписанты не указали, к какому же «одному из методов генетических датировок» я добавляю «несколько формул», и какие именно. Ссылка дается на мою статью (Клёсов А.А. Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение «молекулярной истории» // Биохимия. 2011. Т. 76. № 5. С. 636–653), но ссылка «глухая», непонятно, к чему она. Удостоверить мой приоритет? К тому же автор письма, Балановская,

198 http://lebed.com/2007/art5034.htm

199 http://lebed.com/2007/art4914.htm

видимо, так и не понимает, что формулы бесполезны, если к ним нет констант скоростей мутаций в гаплотипах или в индивидуальных маркерах (см. ответы на Вопросы выше). Популяционная генетика этими константами скоростей мутаций не оперирует. А формулы, которыми оперирует ДНК-генеалогия – это формулы для линейного метода, пермутационного, логарифмического, для поправок на возвратные мутации. Плюс автоматический калькулятор для серии разных расчетов по гаплотипам любого формата и для любого количества гаплотипов до 10 тысяч в одной серии. Все это объясняется и иллюстрируется в первой части настоящей книги.

– А. А. Клёсов использует приемы., которыми можно вывести происхождение любой группы населения от каких угодно предков.

Здесь уже пора крикнуть «санитаров». Но характерно, что для иллюстраций своих удивительных пассажей авторы никогда не обращаются к научным публикациям. Далее, авторы и подписанты совершают подмены – они берут положения популяционной генетики, не указывают, что в ДНК-генеалогии термины имеют зачастую другой смысл, потому что это другая наука, со своей другой парадигмой, и передергивают, ставя якобы в соответствие несопоставимое. Например, в микробиологии «фермент» – это закваска, а в энзимологии «фермент» – это (как правило) белок, биокатализатор. В лингвистике арии – это носители определенных языков, в ДНК-генеалогии – это категория наследственности, определенный род (R1a). В ДНК-генеалогии эрбины – это носители гаплогруппы R1b, в генетике такого термина нет. И таких примеров масса. Авторы и подписанты «письма 24-х» вследствие своей ограниченности этого не понимают, они постулируют, что все должны придерживаться некой терминологии их наук. Но так не бывает. Новые науки вводят свою терминологию. Но подписанты считают, что это «подмена понятий». Коса – это и способ укладки волос, и длинный мыс, и железяка на палке, и пучок проводов в автомобиле, а подписанты называют это «подменой понятий».

– Генетический термин «гаплогруппа» А. А. Клёсов подменяет социальной категорией «род», вкладывая в него биологический смысл.

Это еще один пример того, что подписанты не понимают, что термины порой имеют разный смысл в разных науках. Общепринято, что род – это совокупность всех поколений людей, происходящих от одного предка. В ДНК-генеалогии род – не социальная категория, а наследственная, генеалогическая. В ДНК-генеалогии род эквивалентен гаплогруппе или субкладу, в зависимости от контекста. Признак рода – наличие общего предка, патриарха рода.

– жесткая привязка А. А. Клёсовым рода к биологии – попытка биологизации социальных категорий.

Опять непонимание подписантами простых понятий ДНК-генеалогии. В этой науке род – не социальная категория. Род продолжается тысячелетиями через социумы. Воспитанник детского дома обретает свой род после тестирования его на гаплогруппу и субклады. Подкидыш – то же самое, обретает свой род, а порой и достаточно близких родственников вне своей социальной категории. Упрямая ограниченность подписантов поражает. Еще можно понять, если бы они вынесли эти свои положения на дискуссию, но они нетолерантны, главная их цель – заклеймить. Нет ничего дальше от науки. Впрочем, принадлежность подписантов к науке, точнее, их удаленность от науки, мы уже увидели по отсутствию их цитируемости. Это не случайно.

Примеры из этой серии можно продолжить, но ситуация с подписантами ясна. Узок их кругозор, узка трактовка терминов, причем не из их науки. Они цитируют, например – «*Члены рода R1a1 на Балканах, которые жили там 12 тыс. лет назад, через 200 с лишним поколений вышли на Восточно-Европейскую равнину, где 4,5 тыс. лет назад появился предок современных русских и украинцев рода R1a1».* Ну и что здесь неверно? В чем смысл

цитирования? В чем недоумение подписантов? Потом на Русской равнине появится общий предок русских и украинцев, и белорусов тоже, рода N1c1, потом, позже, появится общий предок русских, украинцев, белорусов, и многих других, рода I2a. Есть еще и минорные рода, меньшие по численности. В чем проблема-то? Такое ощущение, что подписанты что-то хотят сказать, но у них не получается.

«Еще через 500 лет, 4 тыс. лет назад, они вышли на южный Урал, еще через 400 лет отправились в Индию, где сейчас живут примерно 100 млн их потомков, членов того же рода R1a1. Рода ариев». Все правильно. Опять, в чем проблема? Опять, похоже, что-то силятся сказать, но воображения не хватает. А в уставе этого нет. Нет в уставе рода ариев. А в ДНК-генеалогии есть, и это позволило ответить на целый ряд вопросов, на которые попгенетика и история с лингвистикой ответить не могли. Например, откуда арии появились и куда делись. Каковы были направления и времена их миграций, которые пропустили, не заметили, историки с лингвистами. Об этом – выше в данной книге.

– ...термин «славяне», имеющий совершенно определенные лингвистическое и этнологическое значения, произвольно толкуется как «древние носители гаплогруппы R1a1», при этом игнорируется, что гаплогруппа R1a1 была у многих других народов.

Ничего подобного. Опять узкое мышление у подписантов. Их Балановская подставила, они и подписали, мало что понимая. И гаплогруппа R1a есть у многих народов, в том числе не славян. И у славян есть далеко не только гаплогруппа R1a, есть и другие гаплогруппы, основные – еще I2a и N1c1, есть и другие. А в чем проблема-то? Просто выше речь шла именно про славян гаплогруппы R1a. В других статьях речь шла о славянах (сейчас) гаплогруппы N1c1. В третьих – о неславянах гаплогруппы N1c1, например, о финнах. Или о якутах. А в чем проблема-то?

Формально А. А. Клёсов, конечно, признает, что у одного народа много гаплогрупп (что же ему поделать с этим фактом?).

Замечательно. Тогда о чем все-таки речь шла? То пишут, что я приравниваю гаплогруппы к этносам (что неправда), то уже не приравниваю. Надо подписантам как-то определиться. Но заметьте построение фразы. Автор позорного письма вертится как уж на вертеле. Сравните: *«Формально А. А. Клёсов, конечно, признает, что дважды два четыре (что же ему поделать с этим фактом?)».* Универсальная фраза, не так ли? Что угодно можно подставить. И подписанты послушно подписывают.

– … рисуемые им картины миграций основаны на такой идеологии: на всем протяжении существования гаплогруппы. она является биологической меткой реально существовавшей этнополитической или социальной общности.

Ничего подобного. ДНК-генеалогия не занимается этнополитическими или социальными общностями, не надо это приписывать. Нет в ДНК-генеалогии никакой «идеологии», как нет ее в физике или химии. Это – естественно-научная дисциплина.

– можно использовать те же данные генетики, которые мировое научное сообщество принимает как бесспорные доказательства выхода человека из Африки.

Ну так покажите, что там «*мировое научное сообществл принимает как бесспорные доказательства* ». Нет таких. Потому и не процитировали, не показали. Классический вариант демагогии – «мировое научное сообщество принимает». Нет такого. Мировое научное сообщество состоит из сотен тысяч и миллионов людей, оно фрагментарно, одни вообще далеки от «данных генетики», множество людей «сообщества» выход человечества из Африки не принимает, есть много статей в научных журналах, которые возражают против такого «выхода». Эти статьи в последнее время выходят одна за одной. Например, совсем

недавняя статья в журнале Science[200] показала, что «интенсивность миграций из Евразии в Африку была намного большей, чем ранее полагали», и что ряд африканских популяций, как, например, Йоруба и Мбути, которые раньше считали «чисто африканскими», оказались смесью с евразийскими. О каком «высоком африканском генетическом разнообразии», которое рассматривают как якобы доказательство «африканского происхождения Homo sapiens», может идти речь? Это не африканское разнообразие, а евразийское.

Еще статья, в котором показано, что концепция «выхода человечества из Африки» неверна, опубликована совсем недавно в журнале Nature[201]. Были изучены 47 зубов анатомически современного человека, найденные в пещере из провинции Хунань на юге Китая и датированные от 120 до более чем 80 тысяч лет назад. Авторы сообщают о зубах – *«В целом, они меньшего размера, чем образцы позднего плейстоцена из Азии и Африки, и ближе к образцам позднего плейстоцена из Европы и современных людей. Как коронки, так и корни зубов из Даосяни имеют типичную морфологию H. sapiens.* В статье нет ни слова о том, что предок этих древних "китайцев" пришел из Африки, и предполагается, что «H. *sapiens* появился первым в южной Азии».

Майкл Хаммер, в недавнем прошлом активный защитник концепции «из Африки», стал выражать сомнения в выходе «из Африки», но стал это выражать уже в 2013 году, когда стало ясно, что ситуация с «выходом из Африки» запуталась донельзя. Хаммер заканчивает свою статью в журнале «Сайнтифик Американ» (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»* [202] (то есть Европы или Евразии – АК).

Дальше у подписантов в «письме» начинается неуклюжая акробатика о том, что для миграций в Африку *«требуется бездна допущений: на протяжении сотен тысячелетий должны идти друг за другом целенаправленные миграции из Евразии в Африку, и это множество генетических линий обязано в Африке хоть и тесниться, но выживать, тогда как в Евразии эти линии по воле А. А. Клёсова должны исчезать без следа».* «На протяжении сотен тысячелетий», «целенаправленные миграции в Африку», «должны исчезать без следа» – это словоблудие уже от отчаяния что-либо доказать, расписывание в своей беспомощности, а подписанты знай подписывают. Сотни тысячелетий здесь совершенно излишни, выражение «целенаправленные миграции» здесь вообще смешно, в то, что «исчезли без следа» – уже неверно, не исчезли, вот, пожалуйста, в Китае нашли, см. выше. Ограниченность подписантов в том, что они не понимают сути развития науки. Они считают, что если неизвестно сейчас, то неизвестно будет и далее. Наверное, потому и цитируемость минимальна, как показано выше. На самом деле уже давно ясно, что никаких «генетических доказательств» «выхода из Африки» нет. В своих фантазиях выдать желаемое за действительное некоторые генетики вызывают усмешки, когда неумно фантазируют, и к тому же приукрашают деталями. Например, «ведущий научный сотрудник» лаборатории Института общей генетики РАН подписант письма Боринская, впав в раж критики положения, что древние люди из Африки не выходили, живописала на сайте «Антропогенез», который редактирует еще один подписант, Соколов: *«согласно*

---

[200] Llorente, M.G., Jones, E.R., Eriksson, A., Siska, V., Arthur, K.W., Arthur, J.W., Curtis, M.C., Stock, J.T., Coltorti, M., Pieruccini, P., Stretton, S., Brock, F., Higham, T., Park, Y., Hofreiter, M., Bradley, D.G., Bhak, J., Pinhasi, R., Manica, A. (2015) Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture throughout the African continent. Science DOI: *10.1126/science.aad2879*

[201] Liu, W., Torres, M.M., Ca1, Y.-j., Xing, S., Tong, H.-w., Pei, S.-w., Sier, M.J.,Wu, X.-h., Edwards, R.L., Cheng, H., Li, Y.-y., Yang, X.-x., de Castro, R.J.M.B., Wu, X.-j. (2015) The earliest unequivocally modern humans in southern China. doi:10.1038/nature15696

[202] Hammer, M. (2013) Human hybrids. Scientific American, May, 66–71.

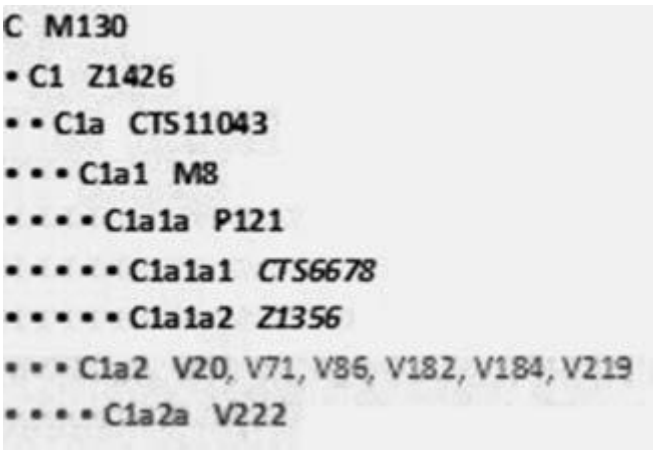
генетическим данным, примерно 70 тысяч лет назад люди покинули Африку, переправились через узкий пролив, отделяющий ее от Аравии, и стали двигаться на восток вдоль берега океана, используя богатые пищевые ресурсы береговой полосы». Ей ответил (в дискуссии на «Троицком варианте») антрополог Г. Дзибель, выпускник кафедры антропологии Стенфордского университета (США): *«Уверяю Вас, что у популяционной генетики нет методов, позволяющих определить, что люди пересекают проливы и используют богатые пищевыересурсы».* Недавно вышла очередная статья американских исследователей, которая при изучении геномов африканцев возражает против «южного пути». Так зачем было живописать? А потому что нет ни знаний, ни квалификации, их заменяют фантазии.

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

Но дело даже не в этом. Все это можно обсуждать, дискутировать, приводить данные за и против. Это – нормальный научный подход. А вот писать лживое, подметное письмо – за это нужно гнать из Академии наук.

– В сочинениях А. А. Клёсова высказывается гипотеза о том, что русский Север – прародина человека разумного: «160 тыс. лет назад человек жил на Русской равнине, или на севере Русской равнины…».

Забавно. Во-первых, цитируется популярная статья с сайта «Переформат», не публикация из научного журнала. Во-вторых, с каких это пор высказываемые гипотезы становятся содержанием доносных писем? В-третьих, а что здесь не нравится подписантам того доносного письма? Что, есть конкретные возражения против этого? Напомню, что именно в Костенках, близ Воронежа, найдена самая древняя ископаемая гаплогруппа-субклад из найденных вообще в мире – C-M130 (с датировкой 36–39 тысяч лет назад). Ископаемых гаплогрупп A или B пока не найдено, в Испании нашли гаплогруппу C, но с датировкой намного позже[203], чем в Костенках. Более того, «испанская» находка (8 тысяч лет назад) стоит ниже на дереве субкладов на 6–7 уровней (на схеме ниже), чем костенковская самая верхняя C-M130 (36–39 тысяч лет назад), то ясно, что миграция этой гаплогруппы наиболее вероятно была с Русской равнины в Западную Европу.



Опять приходится отметить, что не в ладах популяционные генетики с филогенией

[203] Olalde et al. (2014) Derived immune and ancestral pigmentation alleles in a 7,000-year-old Mesolithic European. Nature, v. 507, 225–228.

гаплогрупп и субкладов, поскольку они объявили, что движение человека было от Европы на восток. Во всяком случае ископаемые находки гаплогруппы С этому не соответствуют.

Так что не нравится в такой гипотезе подписантам письма? Что не нравится Кашибадзе, Шнирельману, Балановской, Тетушкину, Дыбо, Касьяну и прочим «знатокам» ДНК-генеалогии? Или они знают, где образовался современный человек? Да не знают они, просто повторяют как заведенные «в Африке», потому что так надо среди людей их кругозора. Да в любом случае, это преступление подписантов против науки помещать гипотезу, против которой им противопоставить нечего, в доносное письмо.

А я вот что скажу. Поскольку гаплогруппа С-М130 в Костенках всего на три уровня ниже первой неафриканской (из известных) гаплогруппы BT, и движение было от нее на запад, и от нее же было на восток (гаплогруппа С сейчас в основном на востоке – Средняя Азия и Центральная Азия), то повышается вероятность того, что образование первых неафриканских гаплогрупп было в районе Русской равнины. Так что круг сужается. Новые находки покажут, так ли это было. Вот как ставится вопрос в науке – есть первичные данные, пусть немного, выдвигается гипотеза, и она подлежит проверке. К сожалению, приходится подписантам это объяснять.

– А. А. Клёсов пишет: «Славяне и арии принадлежат разным эпохам. Это всё равно, что сказать, что князь Владимир был советским. Даже если среди нас есть его потомки. Ни в какой научной статье у меня нет, что арии – это славяне, и наоборот» [11]. *В действительности же как раз о том, что славяне – это арии, А.А. Клёсов написал несколько книг.*

Ссылка – на меня, правильная, и мое положение верное. А вот приписка Балановской с подписантами – ложь. Придется указать на это еще раз. Берем в руки книгу «Происхождение славян» (2013), уже в аннотации и на задней стороне переплета читаем – *«изучение истории древних славян и их происхождение от ариев».* Где там славяне-арии? Включаем режим «поиск», и обнаруживаем, что на всех 510 страницах книги словосочетание «славяне-арии» не встречается ни разу. Да и быть не может – славяне и арии принадлежат разным историческим эпохам. Я еще могу допускать такое выражение в сетевой дискуссии, скорописью, в контексте «древние славяне», или скорее «праславяне», но, повторяю, в книге «Происхождение славян» его нет. Смотрим книгу «Занимательная ДНК-генеалогия» (2013) – тоже ни одного раза «славяне-арии». Открываем книгу «Арийские народы на просторах Евразии (по данным ДНК-генеалогии)» (2015) – опять ни разу. И вот эта ложь у Балановских во всем. И подписанты туда же.

– Но тот, кто искренне интересуется происхождением своего народа, вряд ли найдет в построениях А. А. Клёсова своих настоящих предков.

И опять злонамеренная ложь Балановской и подписантов. Смотрим серию статей под общим названием «ДНК-генеалогия для всех и для каждого», там – персональные интерпретации гаплотипов и гаплогрупп-субкладов для многих, обратившихся именно за поисками своих предков[204].

– Языкам навязывается жесткий биологический контекст: если два народа обладают одной гаплогруппой, то их языки обязаны состоять в родстве

И здесь недоразумение, доведенное до абсурда. Во-первых, нет «двух народов, обладающих одной гаплогруппой», все народы включают представителей разнообразных гаплогрупп. Далее, «языки, состоящие в родстве» – это некорректная формулировка, в определенной степени родства состоят самые разные языки и самые разные гаплогруппы.

---

[204] http://pereformat.ru/2015/08/klin-01/, http://pereformat.ru/2015/08/klin-02/, http://pereformat. ru/2015/08/klin-03/, http://pereformat.ru/2015/10/klin-04/, http://pereformat.ru/2015/11/klin-05/.

Если бы подписанты попробовали дать пример той ерунде, которую написали, то уже на этапе «народов, обладающих одной гаплогруппой» поняли – надеюсь – что вышли на уровень абсурда. Дальше можно было бы и не продолжать. Но поскольку цитата – пример неконкретного словоблудия подписантов, то к этому словоблудию всегда можно подобрать подходящие примеры. Например, у поляков, русских, украинцев и белорусов доминирует гаплогруппа R1a, и, действительно, их языки состоят в родстве. А у сербов и хорватов доминирует гаплогруппа I2a, и действительно, их языки в родстве, и даже язык один – сербохорватский. А у евреев и арабов (в основном гаплогруппа J) – языки семитской группы. Перечень можно продолжать. Что подписанты скажут? Видимо, скажут, что очень хотелось придумать что-нибудь негативное, и вот что получилось. Сами не рады.

– «По ДНК-генеалогии арии и славяне (во всяком случае, от половины до трех четвертей славян) это один и тот же род, имевший общего предка, и языки у них обязаны расходиться из одного общего корня» [12,с 35]. *Ну и зачем теперь лингвистика?*

Опять подписанты ломятся в открытую дверь. Естественно, если обе группы происходят от одного общего предка (в данном случае R1a), то если этот предок говорил на определенном языке (что очевидно), то языки расходятся от одного корня. Потому и язык и славян, и ариев – индоевропейский. А что, америндский? Семитский? Аустрический? Тюрский? Ну и зачем теперь лингвистика – это А. Дыбо пусть сообразит. С мизерным цитированием ее работ. Но подскажу – даже если языки расходятся из одного корня, последующая динамика их может быть сложной. Есть понятия дивергенции и конвергенции, диффузии языков, и многое другое. Так что наличие даже одного корня не задает динамику последующего развития языков. Подписанты очень стараются быть дурашливыми, и им это удается.

– По «новой науке», каждый этнос ассоциирован со «своей» главной гаплогруппой.

Это уже прогресс. До последнего времени Балановские и Клейн твердили, что у каждого этноса своя гаплогруппа, и что это якобы утверждает ДНК-генеалогия. Теперь уже говорят о «главной гаплогруппе», а не единственной. А в целом – что странного? Основная, доминирующая гаплогруппа этноса определяет многое в этносе, и задача науки выявить и обосновать, что именно определяет, почему наблюдаются исключения и в чем их причина. Но поскольку подписанты от настоящей науки весьма далеки, как мы неоднократно убеждались, то им задачи науки во многом чужды. Поэтому и выбрали странный и неконкретный термин «ассоциирован». Что это такое – не поясняют.

– ...книга – в соавторстве с самодеятельным автором из Владивостока, много лет доказывающим, что великороссы являются древнейшим на Земле народом.

И это ложь – про *«великороссы являются древнейшим на Земле народом* ». Цитаты, конечно, нет. Может, с Петуховым перепутали? А подписанты подмахнули, не глядя.

– рекламирует юморист М. Задорнов.

Опять неудержная страсть к негативу. М.Н. Задорнов – член Союза писателей России. Почему бы так не написать? Но нет, подписанты заряжены на «компромат» в их понимании.

– Ученый мир его ДНК-генеалогию не приемлет.

Как мы только что убедились, цитируемость большинства подписантов намного меньше цитируемости статей по ДНК-генеалогии.

На этом можно и остановиться, поскольку остальное – лишь выражение немотивированной злобы. Мой немалый опыт в науке показывает, что наука здесь не при чем, научные разногласия в таких терминах и в таком стиле не обсуждаются. Здесь нечто более глубинное, и в общем понятно, что. Это – идеология, причем идеология русофобская. Еще у подписантов вылезает нутро середнячка от науки, и я не случайно обратил особое

внимание на цитируемость их работ. Оно попросту позорное. Поэтому включается защитная реакция, нежелание чего-то нового, «держать и не пущать». Это и есть основные факторы, приведшие к позорному «письму 24-х».

Часть V
«Троицкая дискуссия» и что она показала

В январе 2015 года состоялась дискуссия на сайте «Троицкий вариант», которая была начата как обсуждение «письма 24-х». Дискуссия продолжалась несколько месяцев, в ней появилось 2800 комментариев, было более 70 тысяч просмотров. Но дискуссии по «письму» не получилось, обсуждать там было нечего. Поэтому буквально на следующий день дискуссия пошла своим путем. Пустой она не была, хотя бы потому, что смогли высказаться, хотя бы поначалу, те, кто хотел. Но затем дискуссия пошла по кругу. Большинство комментариев были помещены небольшим кругом людей, подсчеты даны в статье «Трагикомедия…» ниже. Это люди «висели» на «дискуссии» постоянно, и обсуждать чего-либо с ними было бесполезно. Дискуссия все-таки подразумевает некоторое сходство в принципиальных позициях. Такого там не было. Сразу началась «охота на ведьм», обвинения тех, кто пытался занять конструктивную, или хотя бы нейтральную позицию. Это легко увидеть на сайте http://trv-science.ru/2015/01/13/ dnk-demagogiya-kljosova/

Для меня обсуждение было полезным, во всяком случае я смог донести то, что хотел донести, и это смогли прочитать люди заинтересованные. Показательно, что в ходе обсуждения рефреном повторялся призыв от людей нейтральных (либо неинформированных) к противникам ДНК-генеалогии – покажите конкретно, в чем претензии к ДНК-генеалогии, к расчетному аппарату, к интерпретациям. Ответов так и не было получено. Вместо этого шла персональная атака, порой просто феерическая по абсурду – что я якобы летаю на частных реактивных самолетах на «корпоративы» в места, удаленные от непосвященных, за глубокими каньонами, где-то в Калифорнии, где собираются миллиардеры… Или что меня судят за какие-то нелегальные доходы, при этом приводят имена судей и юридических контор, которые якобы занимаются моими расследованиями… Вот это и есть чушь феерическая, ничего этого, конечно, нет и не было. Особенно этим отличался «журналист» В. Лебедев, живущий в Бостоне. По совместительству, он является членом Комиссии Президиума РАН по борьбе с лженаукой, куда был не так давно введен. Это все напомнило борьбу с троцкистско-зиновьевскими вредителями и японскими шпионами в 1930-х годах, вот такие люди, как Лебедев, этой борьбой и занимались.

Некоторые из активных участников дискуссии ничего не понимали в ДНК-генеалогии, что не мешало им шарахаться от одного негативного вывода к другому, «по понятиям». Остальные активные участники бодро генерировали ложь, или просто «сотрясали воздух» совершенно безотносительными вбросами. Но это, разумеется, воспринималось как «дискуссия», как «критика». Сообщалось, что строить деревья гаплотипов так, как мы делаем, смысла не имеет, так как там есть астрономическое количество теоретических вариантов, а вот есть другие способы построения, верные. Это тут же радостно подхватывалось, что да, смотрите, это смысла не имеет, специалисты говорят. На мой вопрос, что вот, пожалуйста, есть выборка гаплотипов, постройте как надо – ответов, конечно, не было. Я-то понимаю, что эти «специалисты» (речь о Верениче и Запорожченко) имели в виду – это примерно как критиковать написанный текст, что буквы можно представлять разным количеством точек, десятками разных шрифтов, курсивом или нет, причем курсивами тоже разными, буквами разного размера и прочим астрономическим числом вариантов – вот они это и выдавали за «критику». Но текст останется тем же. Клейн и Балановские продолжали генерировать ложь и подтасовки. То же и Балановская, которая подключилась позже.

Скоро стало ясно, во всяком случае мне, что дискуссия смысла не имеет. Когда «та»

сторона заряжена на негатив, дискуссия обречена. К тому же, такая «дискуссия» должна послужить уроком тем наивным, которые всерьез считают, что «истина находится в дискуссии». Совершенно нет. Дискуссия просто дает возможность сторонам выговориться, и то при условии, что все комментарии честно публикуются. Такого там тоже не было, на что жаловались участники. Но мои комментарии, по-моему, все пропускали, хотя многие с задержкой на несколько дней. В итоге я из дискуссии вышел через несколько дней. Стало ясно одно – надо не обращать внимание на этот цирк, и продолжать работать, публиковать статьи и книги, работать над созданием Академии ДНК-генеалогии (она была создана в России в июле того же года), в общем, «собака лает, а караван идет»

Ниже я привожу часть своих высказываний в ходе дискуссии, чтобы еще раз разъяснить основные положения ДНК-генеалогии, то, что не было достаточно разъяснено выше в этой книге, или чтобы дать их под несколько другим углом. Помимо того, в той дискуссии я давал конкретные примеры и иллюстрации своих положений, которые не были приведены выше, но являются важными для понимания материала. Перепечатывать всю дискуссию смысла не имеет, она занимает сотни страниц текста. Желающие могут ознакомиться по приведенному выше линку. Но некоторые показательные коментарии других все-таки здесь приведены. В ряде случаев они даются в сокращении для экономии места, или по причине дополнительной бессодержательности. Первыми даются несколько вступительных сообщений, и затем я перехожу к своим комментариям.

Выдержки из дискуссии

German Dziebel:

В России, я вижу, по прежнему доносами занимаются. Уже столько лет прошло, уже Сталин умер, уже 21 век на дворе, уже айпадами все обзавелись, а русские все пишут друг на друга доносы. В атмосфере демократии и гласности только эти доносы не тайно подаются, а в печати, громогласно и соборно. Культура эволюционирует, а вот этика нет. Товарищи академики! Перестаньте давить друг друга и собачиться по мелочам («Клесов-то профессор гарвардский не настоящий!» – в реальности, Лев Животовский себя тоже «приглашенным профессором» Стэнфорда описывает, и что тут такого, и то, и то правда, а как это звание на русский переводить дело десятое). Целых 24 человека подписались, а написано слабо (что-то правильно, что-то нет, что-то раздуто, что-то осталось без ответа), предвзято, не убедительно, по детски… Интересно, что ни Дробышевский, ни Животовский не подписались. И при чем тут Дыбо с Касьяном? Им бы дай поерничать (само словосочетание «ДНК демагогия» небось Дыбо «реконструировала», Касьян предлагал более удачное «ДНК фантасмагория,» но его соратники не расслышали).

Denny (доктор биологических наук,
зав. лабораторией РАН):

Хотел высказаться в похожем ключе. ИМХО, плохой текст (письма). Как-то сразу узнаваемо пахнуло склоками и кляузами. Текст представляет собой классический наезд на личность Кле-сова. Собственно разбору его теорий (или псевдотеорий) посвящено порядка 10 % текста. Хотелось бы видеть обратное соотношение. Чтобы лженаука разоблачалась научными аргументами. А так получилось, что авторы яд излили, а ничего по сути не сказали.

Denny :

В том-то и беда, что это просто декларация. И наезд. Для рассуждалок о личности Клесова место нашлось, а для научных аргументов – нет. При таком подходе дискуссия сводится к обмену декларациями с неизбежным переходом на личности.

Думаю, мне нет надобности Вам объяснять, как пишутся популярные тексты о науке. Совсем не так, как написан этот.

Я реагирую достаточно нервно по серьезной причине. Имею опыт… Я, конечно, ученый невеликого масштаба, и коллективных писем в Троицком Варианте про меня не писали. Но за 25 лет работы довелось начитаться мнений и отзывов ровно в этом же стиле. От маститых ученых со всеми лампасами. В которых было много деклараций «физик и компьютерщик лезет в физиологию», но мало научных аргументов.

Фокус в том, что на газетные декларации способен каждый. И на этом декларативном уровне наука и лженаука ничем не отличаются. А с претензиями новохронологов покончили вовсе не декларации, а люди, которые с методиками и штудиями разобрали их «результаты» и показали, что это именно лженаука.

ЛСК (Лев Самуилович Клейн):
…Разбор «его теорий» дается в научных изданиях.
А.Т.:
>ЛСК: «Разбор «его теорий» дается в научных изданиях»
Очень интересно. Где, например?
(Примечание. От Клейна ответа не последовало – ААК)

Denny:
«… термин «славяне», имеющий совершенно определенные лингвистическое и этнологическое значения, произвольно толкуется…»

Осмелюсь напомнить, что слово «славяне» употреблялись задолго до появления лингвистики и этнологии. Посему *«термином, имеющим определенное значение»* славяне быть никак не могут. Попытка ученых определенных специальностей приватизировать понятие «славян» в соответствии со своими конкретными методологическими подходами совершенно несостоятельна. Можно сказать, что в лингвистике и этнологии договорились под «славянами» понимать то-то и то-то. А представители других специальностей имеют полное право вкладывать в это понятие иной смысл.

Amperion:
>ЛСК
…Вы пытаетесь присвоить себе абсолютную истину и право безапелляционно судить других. Это типично марксистская идеология. И это ещё намного хуже того, что делает Клёсов.

Не согласны с Клёсовым – прекрасно. Покажите, где он ошибается. По делу покажите. И не надо по-лысенковски голосить, что его «изыскания» противоречат «линии партии». А сейчас выглядит так, что некоторые опасаются, что Клёсов быстренько определит, кто там сефард, кто ашкенази, а кто вообще хазар безродный. Потому и вой поднялся.

Меня-то это совершенно не волнует. А вот кое у кого, похоже, некий расистский элемент в подсознании сидит.

Denny:
Вот чего я не нашел в Вашем разборе, так это содержательной критики самого подхода, пропагандируемого Клесовым. Создается впечатление, что по СУТИ идей Клесова авторам разбора сказать нечего. И вместо этого они кусают по мелочам, дабы создать общее негативное впечатление. Такой полемический прием хорошо известен. Увести дискуссию в море частностей и терминологических придирок.

…На самом деле и в приведенном Вами разборе и здесь в текстах я пока не вижу внятного ответа на два основных вопроса.

1. Насколько вообще состоятелен метод исследования происхождений-миграций по анализу гаплогрупп?

2. Насколько состоятельны построения Клесова?

German Dziebel:

Да, содержательности в тексте (письма 24-х) мало. По уму надо было пригласить Клесова самому изложить свой метод и конкретные результаты (для Ваших ученых смежников), затем дать возможность специалистам его покритиковать (по сути, с молекулярных основ и метода датировок, до исторических выводов и терминологического аппарата), а потом дать ему ответить. Может все это произошло на «карачаевских чтениях», но меня там не было, а понять по сути, без шума и гама хотелось бы. Такое впечатление, что вышеподписавшимся заранее просто не хочется относиться к Клесову и его идеям как к настоящей науке, поэтому стандартной дискуссии организовано не было.

Цыгельнюк:

Неприятная статья!

Лучше бы эти подписанты больше занимались наукой, а не очернением человека, популярность которого выше большинства из них.

Anatole A. Klyosov:

http://pereformat.ru/2014/12/dnk-genealogiya/
http://pereformat.ru/2014/12/dnk-genealogiya-2/
http://pereformat.ru/2014/12/dnk-genealogiya-3/
http://pereformat.ru/2014/12/balanovskie/

Это – первый случай за много лет моего входа в сетевую дискуссию на чужой территории, и надо же так случиться, что практически никто здесь не разбирается в материале, по которому публично (!) высказываются. Выше – те изложения азов ДНК-генеалогии, которые здесь так хотели увидеть. Что же касается обильной лжи, которая здесь лилась – и о «славянах 50 тысяч лет назад», от которых якобы «все произошли», и о неком «русантропе», о котором я никогда до того не слышал, и многое другое – это все неправда, которая кем-то активно генерируется, а публика ужасается – как он такое мог говорить? А никак, никогда и не говорил. Короче, кто хочет хоть немного разобраться, читайте по линкам выше. Там и короткая, но насыщенная история ДНК-генеалогии, и разбор докладов Балановских на недавней конференции, и примеры расчетов. Должен сказать, что только Denny в ряде комментариев приблизился к пониманию расчетного аппарата (в отношении калибровок, например), другие же (в особенности Боринская) не имеют никакого понятия. Но, заметьте, активно критикует. В общем, добро пожаловать на Переформат, там материалы по ДНК-генеалогии довольно широко представлены.

Anatole A. Klyosov:

В отношении очередной порции лжи В. Лебедева (часть была уже разобрана ранее[205]), даю справку:

1. Я никогда не слышал термина «русантроп», вплоть до последних нескольких дней. Если его употребил А. Тюняев, то я не несу за его высказывания никакой ответственности.

2. *«Нехорошо отвлекаться от своих соавторов»* – исключительно демагогическое заявление. Совместная книга с Тюняевым вышла пять лет назад, и мало ли что он мог за это время написать.

3. *«Там много чего наговорили»* (о совместной книге). Опять голословная, демагогическая фраза, поскольку никаких цитат не приведено. Дайте конкретные цитаты – поговорим, только не стоит вырывать из контекста и умышленно переставлять слова, как здесь (в исходном письме) принято.

4. *«ваш свежий совместный с Тюняевым доклад… произнесли вы его… в ноябре 2013* г». Первый раз о таком докладе слышу. В ноябре 2013 г я в России не был, никакого текста

[205] http://pereformat.ru/2015/01/lebedev/

доклада не видел, и вообще не понимаю, о чем речь. Поинтересуйтесь в Оргкомитете.

5. *«Африканцы – боковая ветвь ариев-славян…»* – чушь собачья, приходится обижать собак. И это пишет член Комиссии по борьбе с лженаукой, приписывая это мне? Вы полностью дискредитируете эту Комиссию.

6. *«С вашей точки зрения, «развитие человека выглядит как деградационный процесс».* Опять чушь, и опять приписываете это мне.

7. «*Тюняев, финансирующий ваши совместные публикации и поездки на конференции…».* О финансировании никогда не слышал, хотя совместная публикация у меня с А. Тюняевым была одна, упомянутая книга, кстати, по многим отзывам очень полезная. Там ДНК-генеалогия излагается на 700 страницах, с сотнями примеров. Если ее А. Тюняев финансировал, о чем я никогда не слышал, то буду ему только благодарен. А о финансировании поездок на конференции – полная чушь. Я в России за последние 25 лет был только на двух конференциях – это ноябрьская 2014 г. по карачаево-балкарцам, которую частично оплатил Оргкомитет, и в Йошкар-Оле по приглашению Марийского университета, но которую оплатил сам. Причем здесь Тюняев?

Показательно, что ложь из Лебедева льет, как из ведра.

8. *«Тюняев… антисемит* ». Я не слышал, мои контакты с ним ограничивались работой над книгой, исключительно по е-мейлам. Да мало ли каких политических взглядов, явно или тайно, придерживаются мои соавторы? Я на днях сдаю книгу по ДНК-генеалогии в США, совместно с американским историком, и откуда мне знать его политические взгляды? И зачем? Вы найдите в нашей с Тюняевым книге антисемитизм, тогда и цитируйте. А вот то, что мне евреи на известном Форуме несколько раз присуждали премии и дипломы – это факт, и вы об этом знаете. Как и награда от еврейского сообщества за «вклад в изучении истории еврейского народа». Как и серию опубликованных моих работ по просьбе еврейского ашкеназийского сайта (англоязычного). Как и мои статьи в московской газете «Еврейская жизнь», по приглашению редакции. Раз вы так против антисемитизма, то сейчас должны меня похвалить, не так ли? Что-то не слышу…

9. *«Ваша совместная работа древнейшего происхождения «арийскихславян»…»* – опять чушь. Не знаю о такой совместной работе (см. выше), и оборот моим быть не может. См. разбор докладов Балановских (линк выше), они тоже подобную ерунду выдвигали, что я якобы приравниваю славян к ариям. Это разные эпохи, как я могу их «приравнивать»?

10. *«Своими дикими измышлениями на ТВ»* – не затруднит дать ссылку, тогда и можно разговаривать. И это опять член Комиссии, который Комиссию дискредитирует? Это что, такая методология работы Комиссии «по борьбе с лженаукой»?

11. *«Почему вы выбираете массовую аудиторию телевидения»?* Во-первых, потому что она массовая. Во-вторых, не я выбираю, а ко мне обращаются с просьбами. За последний месяц меня снимали шесть раз (один раз – из Казахстана), и никого я не выбирал. Я руководствуюсь святым правилом людей науки – заниматься просвещением. Если есть претензии к просвещению – приведите цитаты. Только таким может быть разговор.

12. *«Хотите подсунуть властям «новую национальную идею…»* – был бы счастлив, если мои работы позволили бы лучше осознать русскую национальную идею. Я стою на плечах 14 поколений русского военно-боевого состава (если кто не знает – читайте мои работы про детей боярских), которые за Россию и за Крым, между прочим, кровь проливали, как и за то, что стало современной Новороссией. Мы здесь с вами по разные стороны фигуральных баррикад.

13. *«Безумные и безответственные речи».* Это про Крым? Если да, подписываюсь под ними. Если про что другое – приведите цитаты.

14. *«Себя представляете профессором Гарварда (а были приглашенным лектором»)* – ах, как вас жжет меня понизить, это показательно и забавно. Во-первых, был профессором Гарварда, девять лет в 1990-х, не считая 1980-х, когда я был визитером. Приглашенным лектором (Visiting Lecturer) я был в 19741975, а в 1990-х был профессором, и все документы по Гарварду шли ко мне как к профессору, и письма ко мне как к профессору, и табличка на

двери кабинета, представленная Гарвардом, была «Профессор», и регулярные чаепития с президентом Гарварда все эти девять лет были как с профессором, и лекции были от профессора. И членом Гарвардского клуба я стал как профессор, уже в 2000-х годах, и обращение от клуба ко мне было как «профессор», с предложением принять приглашение стать членом клуба. А вот вы попробуйте. Адрес вам, наверное, известен, Commonwealth Avenue. Это не в Кембридже, где любой младший сотрудник Гарварда может стать членом клуба. Вы просто не понимаете американских реалий. Там и Клинтона, и Буша представляют и обращаются к нему сейчас как «мистер Президент», и к Ромни обращаются «Governor», хотя он губернатором был давным-давно. Потому что система такая. Там я был и остаюсь профессором навсегда. И это не текущая должность (см. выше про Клинтона и Ромни), а формальное и бытовое обращение. Здесь же я никогда не говорю – я профессор Гарварда, но это говорят за меня, и пишут за меня, и правильно делают. У меня и диплом профессора Академии наук СССР, выданный в начале 1980-х, продолжает быть действительным. Пишу об этом столь подробно потому, что многие об этой стороне американских реалий не знают. Но у вас цель одна – принизить (как вам кажется), она и есть у вас главный драйвер. Как вы выше старались принизить физика Адамова, моего соавтора в 2008–2009, Темоша, который к Академии ДНК-генеалогии никакого отношения не имел, Шварева, который был матросом десятилетия назад. Рожанского, который является крупным ученым, но за рубежом.

Anatole A. Klyosov:

>О. Балановский: И еще любопытная мысль: «Только те предки нынешнего русского народа были «индоевропейцами», которые принадлежали к роду R1a».

Надо же договаривать. Прошу привести свидетельства, какие другие древние предки (в терминах гаплогрупп) нынешнего русского народа были индоевропейцами. Гаплогруппа I? G? N? E? J1? J2? R1b? Какие еще?

Когда критикуете, извольте знать ответ. Иначе это не критика. Мы знаем, что носители гаплогруппы R1a прибыли в Индию, и были «индоевропейцами». Кто еще?

Anatole A. Klyosov:

>Показательно, что ложь из Лебедева льет, как из ведра.

Продолжаю комментировать. Не только ложь, это само собой, но страстные передергивания.

Я пишу:

«Первый раз о таком докладе слышу. В ноябре 2013 г я в России не был, никакого текста доклада не видел, и вообще не понимаю, о чем речь».

Он отвечает:

>А ведь обзор этого вашего совместного с Тюняевым доклада попал даже в расхожий обзор в Ньюсленде.

Мне что, опять повторить то, что написано выше?

Лебедев: «Кто такой Тюняев – не знает».

Где я это писал?

>Скажите, а почему… Тюняев вдруг становится вашим соавтором в вашей главной книге по происхождению человека в 1022 стр? Что вас связывает?

Интересно. А можно я сам буду выбирать себе соавторов? Но если это кого-то действительно интересует, то расскажу, что А. Тюняев мне предложил написать такую книгу, и он сам подберет издательство, подготовит рисунки, займется прохождением рецензентов РАН, и если рецензии будут положительные, то издание получит гриф РАН. Так оно все и получилось. Живя за рубежом, заниматься такими организационными делами в России практически невозможно. Так что я ему очень признателен. 700 страниц в этой книге заняла ДНК-генеалогия, фактически энциклопедия на то время. Остальное – археология, антропология, история. Это в большой степени писал А. Тюняев, но я много и тщательно

(полагаю) редактировал. По ходу написания этой остальной части А. Тюняев дал много советов и рекомендаций, многие я отклонил, но не все, поскольку знаю ответы далеко не на все вопросы. Поэтому в предисловии написано, что авторы в ряде мест не согласны друг с другом, но это показывает сложность проблемы. Что не так?

Я пишу:

А о финансировании (Тюняевым) поездок на конференции – полная чушь. Я в России за последние 25 лет был только на двух конференциях – это ноябрьская по карачаево-балкарцам, которую частично оплатил Оргкомитет, и в Йошкар-Оле по приглашению Марийского университета, но которую оплатил сам. Причем здесь Тюняев?

Лебедев опять передергивает:

>На конференциях вместе с Тюняевым вы бывали? Нет конечно. И не видели его никогда, не так ли? Чтобы не дать вам солгать очередной раз приведу цитату:

«С21 по 23 сентября 2012 года, в столице Сербии – Белграде состоялась Международная научная конференция…В научный совет конференции вошли видные ученые из нескольких стран: (идет перечисление)… Андрей Александрович Тюняев (Россия), Анатолий Алексеевич Клесов (США),

Я – про конференции в России, которые Тюняев не финансировал, Лебедев – про конференцию за рубежом, которую Тюняев опять же не финансировал. И здесь же вставляет – «чтобы не дать вам солгать…».

И это – подчеркиваю – член Комиссии по борьбе с лженаукой. Надеюсь, это попадет на глаза тому, кто сможет Лебедева из той Комиссии вывести. Потому что он – не беспристрастный ученый, а патологически лживый «журналист».

Anatole A. Klyosov:

Меня уже многие в письмах благодарят, что разобрались в ДНК-генеалогии значительно лучше именно благодаря этой коллизии. А стиль подписантов показал, что настоящих аргументов у них нет. Они про науку, собственно, и не говорят, как здесь с самого начала было отмечено.

С другой стороны, разве не предполагалась открытая дискуссия? Или огорчение только потому, что обвиняемый держит удар? И сам переходит к ударам? Отчего же тогда крик, что «он такой невежливый?

Мне издатели уже предлагают написать об этом книгу. Пожалуй, хорошее предложение.

Anatole A. Klyosov:

Юлия: «И обосновался со своим бизнесом именно здесь, у нас… Почему планирует обустроить свой генетический бизнес именно в бедной России…почему за эти ««исправления» должна ему платить Россия?»

Очередной необоснованный «наезд». Мало того, что здесь многократно призывалось говорить о науке, а теперь и вовсе пошло…

Загляните на Переформат, я уже давно и многократно там сообщал, что денег в России брать не буду, мое участие в тестировании людей будет совершенно добровольным и бесплатным. Мне не нужен конфликт интересов. Да и деньги мне не нужны, у меня есть.

Anatole A. Klyosov:

Denny: >…мой вопрос о том, откуда вообще берутся вероятности мутаций на поколение. Причем именно в области, содержащей гаплогруппы. Можете пояснить?

Это описано в статье по первому (из четырех) линку выше. Дело в том, что в ДНК-генеалогии оперируют – в качестве исходной величины, характеризующей временную дистанцию до общего предка выборки (если, конечно, проверено, что общий предок один, и на это в ДНК-генеалогии есть свои подходы, в отличии от попгенетики) – отношением числа

мутаций в гаплотипах выборки к числу самих гаплотипов в выборке. И это равно произведению числа поколений на константу скорости мутации во всем гаплотипе (которая, разумеется, равна сумме констант скоростей мутаций во всех маркерах данного гаплотипа). Поэтому правомочно выбрать число лет в поколении, назвать его «условным поколением», и тогда при заранее известном (при калибровке) числе лет константа скорости мутации будет равна конкретной величине. Например, при 25 годах на поколение константа скорости мутации в 67-маркерных гаплотипах равна 0.12 (мутаций на гаплотип за условное поколение в 25 лет), а в 111-маркерных гаплотипах она равна 0.198. Если 25 лет не нравится, и хочется по какой-то причине (мне непонятной) взять 30 лет на условное поколение, то константа скорости мутации подстроится, и окончательная величина времени до общего предка останется точно такой же. Собственно, об этом Вы в целом и догадались. Боринская же не догадалась, и не поняла, поэтому ее рассуждения, что можно взять 25 лет, можно 30 лет, и получатся разные величины, и договорилась до 2000=3000 лет, совершенно неверны.

Собственно, в этом и состоит калибровка констант скоростей мутаций, и упрощенный график для 37– и 67-маркерных гаплотипов показан на рисунке по первому линку. Без чтения этой статьи (либо другой моей научной статьи на ту же тему) любые дискуссии по ДНК-генеалогии бессмысленны. В журнале[206] обоснования метода проведены на нескольких тысячах протяженных гаплотипов. Об этом в «подписантском» письме, конечно, речи не было.

Anatole A. Klyosov:

>Denny: А есть ли возможность получить вероятности независимо, исходя из фундаментальных знаний о процессах, вызывающих мутации?

>Alex: Несомненно, именно так их и получают.

Вопрос справедливый, ответ неверный. Точнее, их так хотят получать, во всяком случае при использовании тысяч пар «отец-сын», но статистика там настолько плоха для подавляющего количества используемых маркеров, что ничего путного получить не могут, во всяком случае для расчетов. Смотрите сами. В самом большом исследовании, в котором использовали 1500–1700 пар «отец-сын»[207], во многих маркерах ни одной мутации вообще не было. В нескольких десятках маркеров прошли по одной-две мутации, в некоторых по три. Считать на этом основании «константы скоростей мутаций», это все равно что считать вероятность выпадения орла или решки при бросании монеты один-два-три раза. Да и в остальных случаях мутаций немного, погрешность расчетов слишком велика для практического использования. Тем не менее, попгенетики используют, игнорируя гигантские погрешности «констант скоростей». Самом забавное, что авторы привели «константы скоростей мутаций» даже для тех многих случаев, где ни одной мутации в маркере вообще не было. Оценили «по понятиям», не по науке. В ряде статей популяционных генетиков те фантомные «константы» и используют, и неудивительно, что получают фантомные же данные. Все это подробно разобрано в моих статьях, желающим приведу ссылки.

Поэтому без калибровок констант скоростей мутаций по реальным данным пока не обойтись. Полученные константы проверены-перепроверены на множестве вполне глубоких генеалогий, на ряде ископаемых гаплотипов (см. линк на первую статью выше, книгу «Арийские народы на просторах Евразии», где глава 5 полностью посвящена обзору

---

206 Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34.

207 Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

ископаемых гаплотипов), все это опубликовано. Надо еще вспомнить, что моя прямая специальность по образованию и по многолетней работе – именно константы скоростей химических и биологических реакций. Называть это «лженаукой» – это надо иметь совершенно абсурдную цель.

Anatole A. Klyosov:

Продолжаю отвечать на конкретные вопросы. Я пишу:

«Возможно, окажется полезным при поиске ответов на Ваши вопросы:

http://www.smolensk.ru/user/sgma/MMORPH/N-45-html/

klyosov/klyosov.htm»

>Alex: Зачем там вообще употребляется слово «поколение» (а также слово «калибровка»), и почему ««линейный» и ««логарифмический» методы названы независимыми? И общее число мутаций, и число немутировавших гаплотипов определяются временем и скоростью мутирования, так что вычисленное по ним время не может не быть одинаковым.

Поколение – (1) дань традиции, (2) если давать в расчете на год, то в значениях констант скоростей мутаций будет больше нулей, например, для 67-маркерных гаплотипов вместо 0.12 будет 0.0048. (3) надо перестраивать многостраничную таблицу поправок на возвратные мутации. Но главное – ничего по сути не изменится, окончательные величины будут теми же самыми.

Калибровка – потому что верифицируется количественное отношение между числом мутаций в гаплотипах и количеством лет для ряда конкретных случаев, для которых это количество лет известно из независимых источников. Таким образом «калибруется» величина константы скорости мутации.

Но замечу, что Вы начинаете уже переходит к «вкусовым» понятиям, это уже не наука, а личные предпочтения.

«Линейный» и «логарифмический» методы расчета являются независимыми, поскольку они исходят из разных показателей. В первом – число мутаций в гаплотипах, во втором – число мутированных гаплотипов, безотносительно числа мутаций в них.

То, что *«вычисленное по ним время не может не быть одинаковым* » – принципиальное непонимание того, что серии гаплотипов очень часто представляют собой смеси разного происхождения. Собрали в некоем регионе пару сотен гаплотипов, а откуда известно, что они от одного общего предка? Без этого *«расчет времени до ближайшего общего предка»* не имеет смысла, хотя представляется заманчивым просто посчитать у всех число мутаций и разделить на число гаплотипов. Какое-то число всегда получится. А вот если применить упомянутые два расчетных подхода, то они очень часто дают разные величины. А Вы пишете – *«не может не быть одинаковым».* Неправильно, может. Это и означает, что смесь гаплотипов «неоднородна», картина мутаций не подчиняется закономерностям кинетики первого порядка. Только если оба метода дали одинаковые результаты (в пределах погрешности расчетов), то результат верен.

Аналогия – попытка рассчитать «время полураспада» смеси разных радиоактивных материалов. Система не будет описываться кинетикой первого порядка (кроме совсем уж фантастических случаев, когда у всех материалов одно и то же время полураспада).

>Такое впечатление, что гаплогруппы никаким историческим реалиям не соответствуют

Естественно, нет. А почему они должны соответствовать? Новая гаплогруппа образовалась, скажем, 31 тысячу лет назад путем спонтанного превращения у некого индивидуума адени-на в гуанин в участке Y-хромосомы под номером 15 миллионов 581 тысяча 983. Какой «исторической реалии» это должно соответствовать? Это, между прочим, гаплогруппа R.

А вот проследить шлейф миграции носителей этой гаплогруппы и ее нисходящих подгрупп (субкладов), которые возникали в ходе этой миграции, это дает важные данные для

истории и языкознания, потому что эти мигранты переносили с собой языки, не молча шли, переговаривались. И в итоге мы находим, что носители этой гаплогруппы, эрбины (потому что гаплогруппа R), вышли из Южной Сибири и в итоге дошли до Европы, и на Британских островах, например, их до 60–90 % от общего населения, и по всей Центральной и Западной Европе до 60 %. Датировки по гаплотипам показывают, что пришли они в Европу с разных сторон 4800–4500 лет назад, на Пиренеи – 4800 лет назад, и оттуда стали заселять Европу как культура колоколовидных кубков, археологическая датировка – те же 4600–4800 лет назад[208]. Вот это уже соответствует «историческим реалиям», но не гаплогруппа сама по себе, а динамика ее миграции. И таких примеров можно привести десятки.

Anatole A. Klyosov:

>Denny: У меня вот какой вопрос возник. Одним из камней преткновения является вопрос о том, как связаны (или не связаны) распределения гаплогрупп с расами, языками и культурами. Насколько я понимаю, Клесов это утверждает, другие отвергают. Кто-нибудь это серьезно проверял? Ну вот просто: насколько совпадают ареал распространения R1a и ареал индоевропейцев (по иным данным)?

Вопрос в целом некорректен. Нельзя его ставить в таком общем виде. Надо проводить конкретный анализ в конкретной ситуации. Скажем, у осетин язык индоевропейский, гаплогруппы G три четверти от всех. В Карачаево-Балкарии язык тюркский, той же гаплогруппы G треть от всех. И таких примеров по всему миру множество. Ареал R1a и индоевропейцев в целом совпадал (наверное) между 6000 и 3500 лет назад, потому в Индии в высших кастах (индоевропейских) до 72 % носителей R1a[209]. А в Европе теперь почти все индоевропейцы, кроме нескольких регионов (баски, венгры, эстонцы, финны), чего не было еще 4500–3000 лет назад. С расами то же самое, нельзя так ставить вопрос вообще. Пушкин был R1a, а прадед (по материнской линии) – эфиоп. Вот и нет соответствия между расой и гаплогруппой. В Африке в Камеруне и Чаде множество носителей R1b, все они чернокожие. Про культуры вообще говорить в данном контексте не приходится.

Я не знаю, откуда появилась эта басня, что «Клесов это утверждает»? Это постоянно повторяет Л. Клейн, например. Это в своих докладах на недавней конференции утверждали Балановские. Откуда это? А другие подхватывают, что это «лженаука». Загляните на Переформат, я все время за это ругаю участников, что гаплогруппы к этносам, языкам, расам пытаются привязать. Мой рефрен при этом – а к партийности это не пытались привязать?

В том и проблема, что все – буквально – обвинения в «лже-научности» в исходном письме – это ложь, передергивания, злой умысел. А другие подписывают. Вот в чем большая проблема. Это факт, например, что среди арабов до 9 % гаплогруппы R1a, причем явно производной от R1a Русской равнины, только у арабов датировки моложе, а гаплотипы практически такие же. Это факт, что среди клана Курейш немало носителей R1a, я от них постоянно письма получаю. Кто не знает – этот клан в Коране упомянут, из этого клана вышел пророк Мухаммед. А писать при этом, что «он арабов из славян выводит» – это опять либо полная безграмотность, либо злой умысел. Что, про митаннийских ариев не слышали? Датировки те же, что у общих предков арабов гаплогруппы R1a.

Разбираться в этом надо, а не злобствовать. Оттого и мои резкие характеристики. От них не отказываюсь и не откажусь. А что по телевидению вежлив – то же мне, «претензия»,

---

208 Lee, E.J., Makarewicz, C., Renneberg, R., Harder, M., Krause-Kyora, B., Muller, S., Ostritz, S., Fehren-Schmitz, L., Schreiber, S., Muller, J., von Wurmb-Schwark, N., Nebel, A. (2012) Emerging genetic patterns of the European Neolithic: perspectives from a late Neolithic Bell Beaker burial site in Germany. Amer. J. Phys. Anthropol. 148 (4) 571–579.

209 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

так отчего мне по телевидению-то быть невежливым? Что только в голову «критикам» ни придет…

Anatole A. Klyosov:

>Олег Губарев: У меня вопрос к АА.Клесову. Как явствует из публикаций на сайтах, в частности хотя бы этой http://via-midgard.info/news/in_russia/14100-geneticheskie-issledovaniya-tutanxamona-i.html «Генетические исследования Тутанхамона и этническая принадлежность правителя» Тюняев тоже занялся ДНК-генетикой. И пришел к выводу о «русских предках древних египтян». Как Вы, Анатолий Алексеевич, оцениваете работы Тюняева в области ДНК-генеалогии?

Прежде чем ответить на Ваш вопрос, сообщу, в виде преамбулы, что как к человеку я к А.А. Тюняеву отношусь с симпатией. Он – разносторонний человек, детский писатель, написавший множество книжек и книг для детей, он член Союза писателей России, он мастер спорта по боевым многоборьям, он главный редактор газеты «Президент», и так далее список можно продолжать. То, что он по образованию ракетчик, для меня плюс, а вовсе не минус, как это представляет во всем видящий негатив В. Лебедев. То есть у Тюняева букет интересов, что уже достаточно, чтобы вызвать ненависть у людей посредственных, которые ненавидят все, что «высовывается». Я встречался с ним дважды, уже через годы после написания совместной с ним книги, и он произвел на меня хорошее впечатление своим дружелюбием, оптимизмом, жизнерадостностью. Такой тип людей мне симпатичен.

Вместе с тем он человек увлекающийся, для него наука, как и жизнь, это игра. Формального научного образования у него нет. Нет ментальных «фильтров», которые закладываются многими годами работы в науке. Для него гипотеза интересна и увлекательна своей новизной и «фейерверком неожиданностей», не научной проработкой. Именно потому у меня с ним было множество разногласий при написании книги, и именно потому я предложил ввести в предисловие пояснение, что «*авторы в ряде мест противоречат друг другу».* И, далее, *«это, по замыслу авторов, придаст «реальность» картине и позволит избежать ложных упрощений».*

В том, что А. Тюняев допускает смешные ошибки в своих сочинениях, я не вижу ничего опасного. А кто их не допускает? Вот здесь выложили недавнее творение Л. Клейна «Была ли гаплогруппа R1a1 арийской или славянской?» – так это же ужас какой-то, а считается научной работой. Я поначалу стал подчеркивать несуразицы, а потом бросил, слишком много. Ну не специалист Клейн в том, о чем взялся писать, все на свете перепутал, списал датировки из неверной литературы (я об этом рассказываю по второму линку из четырех, приведенных выше), исказил их на сотни процентов, это привело его к ужасающе неверным трактовкам про славян, про историю в Индии, к рассказам про «судьбу» и «культуру» в применение к Y-хромосоме, что, мол, так нельзя, хотя никто в здравом уме это не делает. В итоге его статья на круг тот же мусор, кроме банальностей. Но она претендует быть научной! А у Тюняева – развлечения, он на науку и не претендует. Так кто приносит больший вред науке?

Поэтому когда «на полном серьезе» критикуют популярные статьи, у которых свой жанр, причем критикуют те, кто заполняет мусором академические издания – то что остается, кроме того, как пожимать плечами? Театр абсурда.

Кстати, в том «подписантском» письме у меня тоже критикуют популярные статьи, и ни разу – мои статьи научные. А ведь там тоже и про ариев, и про арабов, только с более точными и выдержанными формулировками. Но они подписантам неинтересны, там не покритикуешь, материал надо знать. Клейн тоже критикует исключительно популярные статьи, хотя должен понимать, что там свой жанр.

И здесь опять плавно переходим к А. Тюняеву. Естественно, он имеет крайне слабое представление о ДНК-генеалогии, ну и что? Клейн вот имеет еще меньшее, или такого же порядка. Но Тюняев пишет забавляясь, а Клейн – всерьез, критикует, клейма навешивает.

Короче, не нужно принимать всерьез истории про Тутанхамона у Тюняева, он играет

как может, не надо в него стрелять. Но поскольку он написал это под впечатлением того, что прочитал у меня, то я должен кое-что пояснить. То, что Тутанхамон – потомок русских, это, конечно, сущая ерунда. Но надо понимать, откуда там «ноги растут». Тутанхамон, по всем известным данным, действительно имел гаплогруппу R1b, причем очень архаичную, которой в Европе нет, или пока не нашли. Носители этой гаплогруппы прошли из Южной Сибири (где недавно нашли ископаемую гаплогруппу R в костях с датировкой 24 тыс лет назад) через северный Казахстан (видимо, маханджарская и ботайская археологические культуры), потом хвалынская, самарская, средневолжская культуры, потом через Кавказ на Ближний Восток, потом по северной Африке через Египет до Атлантики, и через Гибралтар до Пиренеев, и далее на север заселять Европу как культура колоколовидных кубков. Все это я давно описал в литературе[210], и только сейчас кусочек за кусочком подтверждается, в том числе и гаплогруппа R в Южной Сибири ранее 20 тыс лет назад.

Так вот, поскольку эрбины (носители гаплогруппы R1b) прошли по Русской равнине (как часть древнеямной культуры) и далее до Египта и далее, вот Тюняев и пишет – «потомки древних русских». На слух – полная ерунда, но если начинать давать определения, что понимать под тем или иным – то можно понять, почему он так пишет. Но опять же, он не в научном издании пишет, зачем паниковать? Кому это вредит? Лучше на своих тараканов в академических журналах посмотреть, и принять меры к исправлению. И вот здесь ДНК-генеалогия может помочь, и неплохо.

Anatole A. Klyosov:

>Олег Губарев: И вообще он разделяет такие выводы АА.Тюняева, основанные согласно ссылкам в тексте на его совместных с Тюняевым работах, ибо доклады делались совместно и записаны под двумя фамилиями?

Нет, доклады не делались совместно, я уже пояснял. Далее, меня никто не информировал об этих докладах, их тексты я не видел, узнаю об этом только сейчас, из этой дискуссии.

А поскольку доклады не научные, не журнальные, то меня, признаться, это не слишком беспокоит. Похоже, Вас это беспокоит больше. Ну, напишите Вы «статью» якобы совместно с В.В. Путиным, выставьте в сеть. Думаете, Путин за Вами гоняться будет, претензии предъявлять? Да ему всё равно. Вот также всё равно и мне. Я себя с Путиным не сравниваю, я – концептуально. Во всяком случае из многих десятков писем, которые я получаю ежедневно, никто (!) недоумения по этому поводу не выразил. Видимо, это вне информационного поля. Или те, кто меня знают и читают, знают, что это не может быть моим.

Anatole A. Klyosov:

>Олег Губарев:…я Вашей мягкости в отношении

А. А.Тюняева не понимаю…Ведь он использует Ваши работы, компрометируя Вас – неужели Вы этого не понимаете? Но что гораздо хуже, своими ссылками на Вас он компрометирует Ваши исследования. А если лженаука – потому что Тюняев – это определенно лже-ученый претендующий на новое слово в науке – это просто детская игра – то боюсь большинство серьезных ученых, что здесь, что на Западе Вас в этом не поддержит.

Наверное, здесь нам друг друга не понять. Вам нужны великие конфликты, мне нужна великая наука, если перефразировать известное изречение. И здесь у меня есть приоритеты, в которые конфликт с Тюняевым не входит. Вы уж меня извините, но Балановские приносят несравненно больший вред науке, чем сто Тюняевых. И дело даже не в их мусоре в

---

210 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105

академических журналах, кого это особенно волнует? Кто эти статьи читает? Дело в том, что мы сейчас наблюдаем. Дело в том, что против нового прогрессивного научного направления развернута грязная и лживая кампания, с обзванием потенциальных подписантов, как «в добрые старые времена», которые в этом отношении были погаными. Я втайне горжусь, что ни одного такого «клеймящего письма не подписал», хотя приносили немало, мне, 30-летнему доктору наук и профессору. А здесь – с готовностью типа «чего изволите» стая людей, ничего не понимающих в новом научном направлении, со свистом и гиканьем бросились «уничтожать», так они думают. И на основании чего? Лжи, передергиваний, искажений, откровенного вранья. Клейн признался, что правил это письмо. Помните – «Мы поименно вспомним тех, Кто поднял руку». Я получаю массу писем обратиться к Президенту РАН, и я еще думаю, стоит ли это делать. На самом деле, конечно, стоит. Но противно даже перечислять их фамилии.

А Вы – Тюняев…

Какие *«большинство серьезных ученых на Западе не поддержит* »? Не поддержит чего? В чем? Из-за Тюняева? Вы смеетесь? Каких «серьезных ученых»?

Да оторвитесь Вы от уровня плинтуса, ей-Богу. Разберитесь с приоритетами. Почитайте хотя бы мою книгу «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд. Московского университета, 2010, 512 стр.), может, хоть что поймете в отношении приоритетов. Она сейчас на Переформате бесплатно раздается.

Anatole A. Klyosov:

Забавно. Так мы здесь о науке или нет? Такие, как Клейн, упорно избегают говорить по существу «лженауки», и все время переводят стрелки на другие вопросы. Где комментарии в отношении статьи из «Математической морфологии», линк на которую дан выше?[211] В отношении принципов калибровки? В отношении динамики миграций и расчетов хронологии по гаплотипам?

Что касается профессора Гарварда, я всё рассказал, и не как «оправдание», а как рассказ о американских реалиях, для многих, думаю, информативный. В США на нормальном уровне общения людей никто не разделяет визит-профессора и профессора, это одно и то же. Никто мне не пишет писем, обращаясь «Дорогой визит-профессор», все пишут «профессор», потому что так принято. И вообще, что Вам за печаль, почему Вам это так нестерпимо важно? Вам, с индексом цитирования размером в единицу?

У меня есть 11 документов, которые я получал каждый год от президента Гарварда об очередном присвоении должности (или титула, или позиции, как хотите) Visiting Professor, и это стоит во всех документах. Это – с 1990 по 1998, и два таких документа в 1980-х. Что мне, делать скан и сюда выставлять? Зачем, с какой целью? Что же касается того, что редактор сайта подписывает под моей фамилией «профессор Гарвардского университета» (я свои статьи вообще никогда сам не подписываю, хотя мог бы подписываться с полным формальным правом «академик» -

Вам полегчало?), так это по сути верно, поэтому я и не спорю. То же и в многочисленных телевизионные передачах – ну нравится редакторам так представлять, а поскольку это по сути верно, то что я буду с ними спорить?

Короче, вопрос закрыт, переходите к науке. Если, конечно, сможете.

Anatole A. Klyosov:

Поскольку здесь научное (наверное) дискуссионное сетевое издание, то будет уместным мне высказать свое отношение к «фрикам». Это в науке термин, позорящий науку. «Фрик» – это «тот, кто думает иначе, чем большинство». Это что, не позор для науки – использование такого критерия?

---

[211] http://www.smolensk.ru/user/sgma/MMORPH/N-45-html/klyosov/klyosov.htm

Или мне напомнить историю со знаменитым Лавуазье, который в 18-м веке провел во Французской академии вердикт о запрете рассмотрения вопросов по метеоритам, с формулировкой «камни с неба падать не могут»? И генетики были «фриками», и кибернетики были «фриками», и чл. – корр. АН СССР М.В. Волькенштейн, сторонник теории резонанса, был «фриком» (только тогда это называлось по-другому), и множество других достойных людей. Не надоело наступать на те же грабли?

Кому мешают те, кто у себя на кухне занимаются алхимией, шаманят потихоньку, увлекаются волновым геномом или читают (и изучают) Велесову книгу? В чем проблема? Они что, государственные деньги на эти исследования тратят? В чем их вред для общества? Откуда это «держать и не пущать», кроме как не из постыдных времен, постыдных именно в отношении «держать и не пущать»?

Только те «лженауки» могут представить (негативный) интерес, на поддержание которых уходят значительные бюджетные средства. Это часто связано с коррупцией в эшелонах власти. Да и там очень непросто доказать, прогрессивные это исследования, или «лже». То, что в Комиссию по лженауке недавно введен В. Лебедев – очень тревожный сигнал. Он – манипулятор и патологический лжец, причем лжец бесцеремонный, нахрапистый, наглый. Такой в Комиссии – это аларм, сигнал тревоги.

Потому я толерантен к людям, чье мнение отличается от такового у большинства, потому что видел много случаев злоупотребления их преследованием. Потому что они на самом деле не вредны, если не нарушают юридические законы общества. Потому что они не тратят государственные средства на свои исследования. И что остается? Банальное «держать и не пущать»?

Кстати о Велесовой Книге – многие ли в этой аудитории читали исходные тексты, хотя бы собранные и опубликованные О.В. Твороговым (1990)? А мнение, наверное, большинство имеют. Это ли не сигнал тревоги? Это тоже, кстати, о «лженауке».

Anatole A. Klyosov:

«Пункты» Балановского за редким исключением построены на искажениях. Взять хотя бы наиболее пространный пункт – о *«приравнивании популяции к одной гаплогруппе* ». До этого у Балановского было *«приравнивание этноса к одной гаплогруппе»,* что тоже было принципиальным искажением. Но здесь он уже изменил, одумался. Я приводил пример выше про осетин и карачаевцев – где там было «приравнивание популяции к одной гаплогруппе», когда осетины на три четверти гаплогруппы G, а карачаевцы – на треть та же гаплогруппа? Ну и где там «приравнивание»? И так по всем пунктам. То же самое – что у меня якобы «все славяне (или праславяне) гаплогруппы R1a». Где это у меня такое? Везде я пишу о четырех основных гаплогруппах славян, или этнических русских (контексты могут быть разными) – R1a, Nic, I1 и I2, и еще как минимум пара десятков минорных. И так опять по всем пунктам. Опять передергивания, манипуляции, ложь. Давно уже всем должно быть ясно.

Похоже, вы так и не читали те четыре статьи по линкам, данным выше. Там объясняются все ваши заблуждения, изложенные в «пунктах». Я не могу опять все эти четыре статьи здесь пересказывать, в том числе и ту, где дан разбор позорного доклада Балановского на конференции по Карачаево-Балкарии, в том числе притягивания Геббельса и Муссолини – и это научный доклад? Даже председатель дискуссии не выдержал, встал и пытался остановить. Позор это, а не «научное выступление».

Вот когда прочитаете и разберетесь в вопросе, тогда обращайтесь. Формат данного ресурса не позволяет все ваши передергивания здесь рассматривать, их буквально десятки.

Anatole A. Klyosov:

Трудно общаться с некомпетентным человеком, который вопрос не знает, а занимает обвинительную позицию. Почитайте хотя бы статью в Математической морфологии, линк на которую дан выше. Там увидите упоминание о разработанной программе для расчета времен для общих предков. Что касается новых программ построения деревьев гаплотипов, то для

нас это было совсем необязательно. Если PHYLIP работает, а он для наших целей подходит, то ничего больше от программ построения деревьев и не надо. Программа же, которую мы разработали и которая упомянута в статье, и опубликована в нескольких статьях, расчетная, для обработки сотен и тысяч протяженных (и не только) гаплотипов.

Опять обращаю внимание на то, что «критики» постоянно искажают состояние дел. Все время ловить их за руку непродуктивно. Поэтому начиная с этого комментария я отвечаю ТОЛЬКО на конкретные вопросы тех, кто действительно хочет разобраться в основах и выводах ДНК-генеалогии. Судя по дискуссии, таких немного. Но и это буду делать только после того, как задающие вопросы прочитают четыре статьи по линкам выше, и статью в Математической морфологии как самую последнюю по данной тематике. Я не буду пересказывать то, что в этих пяти материалах опубликовано. Буду отвечать только на вопросы, которые не освещены, или недостаточно освещены в указанных публикациях.

Anatole A. Klyosov:

>И. Тоноян-Беляев: многим так и осталось непонятно, по каким критериям человек, желающий разобраться в предмете, может засвидетельствовать у него (А.А. Клёсова) *антинаучность (если не считать замечательной маленькой статьи Льва Самуиловича по гаплогруппе R1a).*

Благодарю за комментарий в нормальном тоне, здесь это редкость. Кстати, ненормальный тон и задан исходным «подписантским» письмом. Так вот, о «замечательной маленькой статье», которая на самом деле представляет собой ту самую «лженауку», если принять язык, который здесь так обильно используется, и который мне лично претит. Если без «лженауки», попроще, то статья глубоко ошибочная. Самое печальное, что сторонние люди, как Вы, воспринимаете ее как «замечательную».

Поскольку в этой дискуссии явный дефицит научного обсуждения, попробую по возможности коротко обосновать свой негативный вердикт по этой статье Л.С. Клейна. Не буду останавливаться на мелочах, хотя для специалиста показательных, начиная с ошибки в самом заглавии статьи. Не может быть «гаплогруп-па R1a1» славянской, потому что по современной номенклатуре Rm(M459/PF6235, L120/M516/PF6236, L122/M448/PF6237, Page65.2/PF6234/SRY1532.2/SRY10831.2) она имеет возраст не менее 10 тысяч лет, а скорее всего намного старше, и «славянской» быть никак не может. Ну не разбирается Л.С. Клейн в вопросе, списал откуда-то (может и из моих старых популярных статей) устаревшую R1a1, ну да ладно, не в этом принципиальная ошибка статьи. То же и про «гаплогруппу N3» – уже восемь лет, с 2007 года такой нет, название давно устарело. Опять списал это Л. Клейн из какого-то старого источника. Об этом же «недавнее исследование 2009 года», машинально списал у кого-то.

То же и на первых трех-четырех страницах статьи, которые специалист читает, морщась и пожимая плечами. Забудем и пассажи вроде «Клёсов занялся популяционной генетикой», хотя я никогда попгенетикой не занимался и заниматься не собираюсь. Как и генетикой, которую мне почему-то постоянно приписывают. Я такой же «лжегенетик», как и «лженейрофизиолог», как и «лжедантист», никакой методологии генетики в моих статьях нет. Оставим и то, что *«очень приблизительно: поколение может быть… от 20 до 35лет»,* я, наверное, десятки раз объяснял в научной и популярной печати, что мне это адресовать не надо, величина поколения входит в произведение наряду с величиной константы скорости мутации, поэтому сама «величина поколения» (в годах) не имеет в ДНК-генеалогии никакого значения. Ну не понимает Л. Клейн простых вещей. Так и далее – говоря о гаплогруппах, начинать пристегивать к ним культуру и национальный характер, подавая так, что якобы я это делаю – это недостойный прием. И так далее, на первых 3–4 страницах такого много. Это безграмотно и недостойно, ну да ладно, мы к этому у Клейна привыкли.

Переходим к самому главному. Начнем с того, что Л. Клейн не знает.

Гаплогруппа (субклад) R1a-M458 (то, что Л. Клейн называет устаревшим R1a1a7) образовалась примерно 4000 лет назад. К этому времени (R1a-M458 образовалась, видимо, в

районе современных Белоруссии-Польши) другие субклады той же гаплогруппы, Z280 (центрально-евразийский) и Z93 (юго-восточный) уже 500 лет как ушли на восток, и примерно 4000–3500 лет назад прибыли на Ближний Восток (митаннийские арии), на Иранское плато (авестийские арии), в Индостан (индоарии). Поэтому носителей M458 с ними не было, опоздали. Действительно, ни на Ближнем Востоке, ни в Иране, ни в Индии субклада M458 нет. Зато их очень много в Белоруссии-Польше, и они клином выдвинулись на запад, в Центральную Европу. Две основных подгруппы R1a-M458 в Европе носят название центрально-европейской и западно-славянской ветви, обе образовались примерно 2900 лет назад. А субклад R1a-Z93 (который к M458 прямого генеалогического отношения не имеет) дошел до Индии, по дороге последовательно образуя новые субклады Z94 и L657, и сейчас почти все изученные носители R1a в Индии относятся к субкладу L657. Его возраст – 4600±485 лет (расчеты его хронологии приведены ниже). Видимо, его общий предок жил еще на Русской равнине, на Аирйанэм-Ваэджа по мифам иранских ариев.

Вот это знание стоило Л. Клейну положить в основу своей статьи, и в особенности ее раздела «Гаплогруппа R1a и арии». Тогда это была бы «замечательная маленькая статья». Но он так не сделал, хотя я ему рассказывал об этом еще несколько лет назад. Он упорно приговаривал что-то вроде «а вот популяционные генетики считают по-другому». Теперь прояснилось, как они считают. Они по своей методе завышают датировки в три-четыре раза, как подробно разбирается в моей второй статье из четырех, приведенных выше по линку. Причина проста – они используют скорости мутации в три-четыре раза ниже, чем они есть на самом деле. Как эта чудовищная ошибка могла случиться – и рассказывается подробно в этой и других моих статьях и книгах. На это и попался Л. Клейн.

Клейн пишет, что гаплогруппа «R1a1a7» «распространялась на всю территорию славян», и и ее «можно было бы связать со славянами, если бы не даты…». Вот оно, давнее проклятье попгенетиков – неумение связать мутации с хронологией. Клейн слепо следует попгенетикам, восторженно давая в примечании, что их работа (2010 г., у Клейна ошибка про 2009) имеет в соавторах «34 ученых из США, Англии, Эстонии, России, Италии, Пакистана, Индии, Хорватии, Словакии». Как многие уже догадались, в авторах те же Балановские. Используя совершенно неверную скорость мутации, которая получена при совершенно искусственных допущениях (так называемый «метод Животовского»), эти 34 автора «нашли», что пик этой гаплогруппы на территории Польши имеет датировку 8900±2200 лет назад, а сама гаплогруппа возникла 10700±4100 лет назад. Завышение в аккурат на 270 %. Клейн пишет – «Это время, когда никаких славян еще не было… по традиционным рассчетам лингвистов славяне выделились из общности с балтами… ок. 3400 лет назад». Как видим, посчитали бы правильно, получили бы от 2900 до 4000 лет назад, в зависимости от того, какой ветви было больше в выборке, то есть в разумном соответствии с данными лингвистов.

И дальше Л. Клейн пошел развивать неверную трактовку – про мезолит, что в то время (образования R1a-M458) и «индоевропейцы не сформировались», и «славянский язык вряд ли от нее»… Вот так работают историки, для которых 34 автора статьи является главным критерием ее правильности, и которые не хотят слушать, когда им специалист говорит. А сейчас тот же Клейн, провалившись со своей статьей, обвиняет того специалиста в «лженауке», только подумайте!

Дальше – больше, Клейн переходит к ариям, к Индии. Опять по дороге многократно упоминая мою фамилию, и все по мелочам, лишь бы поперечить. Значения его «перечницы» не имеют никакого, пустышки. Это – на целую страницу в небольшой статье. То, где он со мной согласен, Клейн изящно формулирует – «этого, впрочем, Клёсов и не отрицает». Типа, «то, что дважды-два четыре, Клёсов, впрочем, и не отрицает». И далее он переходит опять к списыванию неверных датировок (у тех же 34 авторов), теперь уже гаплогруппы R1a в Индии, и опять по тому же «методу Животовского», завышая датировки на сотни процентов. Он пишет – «внедрение гаплогруппы R1a в Индию относится к неизмеримо более древним временам, когда не сформировались еще и индоевропейцы», ссылается на то, что доля R1a в

некоторых популяциях в Индии достигает 71 %, опять про «мезолитическую эпоху», и что возраст R1a в Индии 14 тысяч лет. Это – завышение на 295 %, там на самом деле примерно 4750 лет, см. выше. И дальше Клейн опять пошел развивать ложную трактовку, что «в Индии эта гаплогруппа исконная и определяет собой не ариев, а доарийское, аборигенное население, тех, кого арии называли «даса» (враждебные племена). «От них получили эту гаплогруппу вторгшиеся арии». И дальше – про «дасовскую гаплогруппу», про «цацки», «расовую теорию», и так далее. Не знаю как кому, а мне это читать – за историка Клейна стыдно.

Ну так как насчет «замечательной маленькой статьи Льва Самуиловича по гаплогруппе R1a». Да так, лженаука, это уж точно.

По-моему, Л, Клейн отдал эту статью в печать, и ожидает выхода в феврале? Добрый совет – снять, пока не поздно.

Anatole A. Klyosov:

>Л. Клейн: «На это и попался Клейн»… Моя вина, по Клёсову, состоит в том, что, не будучи генетиком, я поверил датам 34 исследователей, известных в генетике и антропологии, и не поверил датам доктора химических наук Клёсова…. И продолжаю верить им и не верить ему.

Нет, Лев Самуилович, Ваша проблема не в том, что Вы поверили искаженным датам попгенетиков, Вы же не специалист,

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

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

Поскольку в авторах той статьи Балановские, то мне любопытно, признают ли они честно, что там 300 %-ная ошибка, или будут утверждать, что там все посчитано верно. Как у нас говорят, can’t wait.

>Л. Клейн: выйдут статья о Рюриковичах и большая рецензия на книгу «Происхождение славян».

Гарантирую, что результат будет тот же – чудовищные искажения и ошибки. Советую – не выходите за рамки истории, не беритесь за рассмотрение гаплотипов, не списывайте у других заведомо неправильные данные, например, у Волкова. Его желание сделать скандинавов предками русских, в частности, предками Рюриковичей, делает его тенденциозным манипулятором. Собственно, именно потому он стал позорным подписантом.

И еще – примите к сведению, что в России, на Украине и в Белоруссии практически нет потомков скандинавов, у тех гаплотипы и субклады имеют характерные метки. Все эти

метки ушли от Скандинавии на запад, на Британские острова. Вот там – масса потомков скандинавов. Вы же писали, что на Руси было 13 % скандинавов, это – полмиллиона человек. Чтобы от них не осталось потомства, и огромного, в настоящее время – немыслимо. Так что вывод один – Вы за древних скандинавов принимаете древних славян. Что не оставляет от главной части норманнской теории камня на камне.

Denny (доктор биологических наук,
зав. лабораторией РАН):

Л.С. Клейну: Беда вовсе не в том, что Вы опирались на данные, которые оказались устаревшими или ошибочными. Беда в том, что это сочетается с разоблачительным пафосом. Беда в том, что анонсированный «научный разбор» по крайней мере в этой его части оказался пшиком и банальным наездом с нулевой научной ценностью. Беда в том, что вкупе с декларацией на Троицком Варианте это дает А. Клесову полную возможность говорить об «антинаучной травле». Беда в том, что подобные проколы подрывают у публики доверие к мнению специалистов.

Словом, беда в том, что подобные выступления только на руку вашим оппонентам. И еще беда в том, что предостережений по этому поводу вы не воспринимаете.

Anatole A. Klyosov:

>Игорь Тоноян-Беляев: Подскажите, пожалуйста, а много ли на территории европейской части России (западнее Урала и не считая этнических татар) и в государствах Восточной Европы сейчас носителей субклада R1a-Zg3/Zg4?

Нет, немного. В основном это Кавказ, башкиры, татары, и Средняя Азия.

Но в ДНК-генеалогии, как и везде, отсутствие доказательств не есть доказательство отсутствия, особенно если есть дополнительные косвенные свидетельства. Если специалисты согласятся с наличием «санскритской» (то есть родственной ему) топонимики и гидронимики (хотя, строго говоря, вторая есть часть первой) на Русском Севере, это будет означать, что арии 4900–4500 лет назад, возможно и позже, занимали территории от южной лесостепной полосы до Севера. Почему их осталось мало в виде потомков в современной России и Украине, это тогда вопрос, на который важно ответить.

Что касается Кавказа, башкир, татар и Средней Азии, то датировки Z93-Z94 и нисходящих субкладов там неглубокие, обычно только начала-середины I тыс нашей эры (кроме таджиков, у которых датировки уходят в ранне-арийские времена, то есть в III тыс до н. э.), что наводит на мысль о их скифском происхождении. Серьезно это надо анализировать только в сотрудничестве с историками (и лингвистами), что я постоянно подчеркиваю в публикациях и выступлениях.

Anatole A. Klyosov:

>Игорь Тоноян-Беляев: А Вы не могли бы подсказать, в каких базах можно посмотреть реальный процент / число носителей субклада Z93/Z94 в указанном регионе (Восточная Европа)? Просто очень любопытно, у кого он еще в принципе, кроме татар и осетинов, есть (хотя бы даже и в следовых количествах). Например, есть ли он у прибалтов, на Русском Севере или в Германии?

Кое-что Вы найдете в цитированной здесь статье[212], но там выборки относительно малые. Например, в той статье по Германии нашли всего одного носителя Z93, и это с 10-

[212] Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.

маркерным гаплотипом. В нашей же базе данных IRAKAZ (Рожанский, Клёсов, Золотарев), в которой все данные приведены по 67– и 111 маркерным гаплотипам, имеются 13 носителей Z93 из Германии (не считая евреев Z93). Там же – 29 носителей Z93 из Англии (в статье Underhill – ни одного), из которых 15 – старейшие Z93, и девять – Z93-Z94, остальные – нижестоящие субклады. А в целом в Европе Z93 найдены в Ирландии, Шотландии (13 человек), Испании, Швеции, Финляндии, Австрии, Венгрии, Италии, Польше (7 человек), России (7), Украине (4), Франции, Молдавии, Беларуси, у эрзя, у башкир (21 человек), в Чечне. Плюс у Underhill (2015)[213] найдены единичные (от 1 до 5) в Эстонии (4), на Крите (5), в Болгарии, Словении, у татар, удмуртов, мари.

У осетин гаплогруппы R1a практически нет, меньше процента.

Более подробно можете посмотреть по линку http://r1a.org/, правда, это база по состоянию год назад. В нашем частном пользовании в базе данных IRAKAZ за год добавилось более тысячи протяженных, 67– и 111-маркерных, гаплотипов гаплогруппы R1a.

Anatole A. Klyosov:

Отвечу за Л. Клейна: «Я должен признаться, что А.А. Клёсов был полностью прав. Последняя статья того же Underhill снижает датировку с 10712 лет до 2957 лет для гаплогруппы R1a-M458. Это, скорее всего, славяне. А в Индии получаются тоже датировки А.А. Клёсова. Л.С. Клейн».

Правильно, Лев Самуилович?

Объясню.

Спасибо за показательный пример. В этой статье 2015 года Underhill с 32 соавторами[214] опять рассматривают (наряду с другими) тот злосчастный R1a-M458, который загнал датировку в 10 тысяч лет назад, в мезолит, и которую Л. Клейн принял за достоверную и устроил свое историческое (недопустимое для специалиста) фантазирование. Обратите внимание, что он в своем упрямстве опять повторяет, что верит той статье и тем попгенетикам, а не мне. Но выдержка ему уже отказывает, и он опять переходит на «профессора Гарварда».

Так вот, в статье 2015 года Underhill et al[215] полностью дезавуируют свои результаты 2010 года про эту гаплогруппу R1a-M458. В Приложении к статье они, понимая, что с датировками что-то не то, рассчитывают ее уже по двум константам скоростей – по старой, «Животовского», называя ее «популяционной», с величиной 0.00069 (мутаций на маркер на 25 лет), и по «генеалогической», 0.0025, то есть на 360 % выше. Ясно, что датировки снизятся в 3.6 раз.

По «популяционной» они воспроизводят ранние 10712±3914 лет, по «генеалогической» снижают датировку до 2957±1080 лет. Не комментируя разницу и не сожалея по поводу ранней принципиальной ошибки, они обращаются к независимому методу датирования по SNP (снипам) и получают датировку 5800±1000 лет назад для родительской гаплогруппы R1a-M417. На самом деле она на четыре субклада выше, чем R1a-M458. Ясно, что M458 должна быть заметно моложе, чем 5800 лет.

Вот в чем проблема – группа людей, наводняющих эту дискуссию, и представляющих

---

213 Там же

214 Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.-

215 Там же

один и тот же коллектив, ходят по одному и тому же кругу, приводя что им в голову придет, мусоля мою персоналию, обсуждая парсимонию и разные программы построения деревьев гаплотипов, но никто не говорит самого главного – что подходы, которые я использую, обоснованные, правильные, и дают правильные результаты.

Продолжу мой комментарий. А именно, предвосхищаю вопросы людей, искренне заинтересованных разобраться в вопросе, и людей в целом понимающих суть науки.

1. Ответ на вопрос первый – почему моя датировка была 4000 лет для R1a-M458, а у Underhill получилось 2957 лет, хоть и с большой погрешностью. А потому, что Underhill все-таки несколько промахнулся с константой скорости мутации 0.0025. Если откроете мою книгу «Происхождение человека», в которой 700 страниц посвящены ДНК-генеалогии (поэтому я в данном контексте пишу «мою книгу»), то на стр. 240 увидите константу скорости мутации для данного гаплотипа, равную 0.0018 (мутаций на гаплотип на поколение). Пересчет с 2957 лет (умножить на 25 и разделить на 18) даст 4100 лет до общего предка гаплогруппы R1a-M458 по данным Underhill. Разумеется, я не пишу «4107 лет», потому что это абсурд – приводить времена до общего предка с такой точностью.

2. Ответ на вопрос второй: если это абсурд – приводить времена до общего предка с такой точностью, то почему Underhill et al и Балановские иже с ними приводят 10712±3914 и 2957±1080 лет? Если видно, что погрешность уже в тысячах лет, то какой смысл приводить главное число с точностью до года? В лучшем случае следует писать 10700±3900 лет (а на самом деле более правильно 11000±4000 лет, ну да ладно) и 3000±1100 лет. Мой ответ – а это показывает уровень их понимания, как нужно приводить данные, уровень их математической подготовки, отсутствие научной школы.

Так кто там «лжеученые»? Балановские, стало быть. Это если принять логику «подписантов» и их подпевал. Поэтому мое серьезное предложение – успокойтесь, угомонитесь, достаточно позориться. Нет здесь «лжеученых», даже среди Балановских. Есть элементарная безграмотность. Есть агрессивность. Есть нежелание (неумение? неспособность?) разобраться в вопросах, которыми занимаетесь.

Anatole A. Klyosov:

Vladimir Volkov: В Восточной Европе пока не найдены недифференцированные ветви R1a1-Zg3. В Восточной и Центральной Европе встречаются лишь отдельные представители или молодые ветви субкладов, производных от R1a1-Zg3. Нет никаких оснований говорит, что Rrn1-Zg3 отпочковались от остальных R1a1-Z645 в Восточной или Центральной Европе. И таких домыслов у господина Клёсова предостаточно, так как он недостаточно владеет материалом.

Сожалею, но это неверно. Загляните в базу данных IRAKAZ. Там под номерами от Z93_019 до Z93_035 подряд идет серия гаплотипов из Англии (sic!) под рубрикой Z93-parent. Это те гаплотипы, которые при глубоком «сниповании» были выявлены как Z93+, Z94-.

Что делать будем? «Входит, выходит, смеется, застреливается»? Ну, вперед.

И вот так, дорогой Волков, у вас во всем. Потому и «подписант», от полного бессилия.

(Примечание: больше подписант Волков к этому вопросу на дискуссии не возвращался).

Anatole A. Klyosov:

Уважаемый Игорь Тоноян-Беляев,

(приходится обращаться так, поскольку не знаю Вашего отчества),

Видимо, мои повторяющиеся пояснения не доходят до читателей и комментаторов. Я – не генетик, и к генетике отношения не имею. Поэтому называть меня «лже-генетиком» – это удел людей, у которых плохо с мышлением. Моя прямая специальность по образованию – это химическая и биологическая кинетика. Иначе говоря – наука о скоростях реакций. Но когда я изучаю кинетику действия ферментов, то не я эти ферменты получал, скажем, микробиологическими методами. Часто не я их и выделял, поскольку многие ферменты

доступны коммерчески. Так что мне это и не нужно, я изучаю, с какими скоростями они катализируют свои специфические (и не только) реакции, и либо объясняю это теоретически (см. мой двухтомник «Ферментативный катализ», М. 1980 и 1984), либо вместе с инженерами разрабатываю пути их применения в биотехнологии. Естественно, у меня есть определенные познания в микробиологии и методах выделения и очистки ферментов, но не за это я в свое время получил Госпремию СССР по науке и технике. И никому не приходило в голову упрекать меня, что я не микробиолог.

Когда я изучал (в Гарвардском университете, и затем много лет в «публичной» компании в качестве главного научного сотрудника) ангиогенез раковых опухолей, и затем разрабатывал антиангиогенные и противоспалительные лекарства, то я использовал подходы клеточной и молекулярной биологии только в той степени, в которой мне это было нужно для решения конкретных задач. Никто меня не упрекал, что я не клеточный биолог, потому что я – специалист по полисахаридам (и это тоже), и именно на их основе разрабатывались лекарственные препараты. Я в свое время заведовал Лабораторией углеводов в Институте биохимии АН СССР, там и получил Госпремию СССР. И мои статьи по галектинам в академических журналах имели новизну именно в отношении взаимодействия полисахаридов с раковыми клетками и галектинам, определенным рецепторам на раковых клетках. Иллюстрация этого – ряд статей, и целая галерея книг по галектинам, гликобиологии и созданию лекарств (drug design), выставленная в Amazon. И там, повторяю, я фокусировался на приоритетах, как я их определял, и не занимался всем, «имеющим отношение». Судьба таких, которые распыляются по всему, «имеющему отношение», в науке и практике незавидна, они так и остаются вечными «искателями», но без сухого остатка, определяюшего legacy.

Когда я работал вице-президентом «публичной» компании по производству новых композиционных материалов (хотя принял приглашение перейти туда, полагая, что буду там заниматься биохимией и биотехнологией), я создавал новые материалы, но отнюдь не был специалистом в машиностроении и эксплуатации экструдеров, хотя немало в этом понимал, и освоил сопромат в такой степени, что написал об этом большую главу в книгу, которая есть на Amazon (700 страниц) и переведена на несколько языков. Никто не называл меня «лжеинженером», напротив, я считаюсь одним из немногих в мире специалистов в своем направлении (см. название книги).

Последние годы я активно занимаюсь ДНК-генеалогией, и это – естественное продолжение моего базового образования (я заканчивал кафедру акад. Н.Н. Семенова) и опыта работы в течение многих лет. И вдруг – к моему изумлению – раздался хор голосов российских попгенетиков, что я там «не специалист», потому что «не генетик». Помилуйте, при чем здесь генетика? Я изучаю картину мутаций в Y-хромосоме, я не занимаюсь генетикой. Чтобы создавать новые композиционные материалы, мне не нужно стоять у экструдера, это делают механики, инженеры, операторы. Но оказалось, что ментальность российских попгенетиков (в первую очередь) такова, что у них генетика все застилает. Но генетики не владеют тем, чем владею я, потому и допускают чудовищные искажения в расчетах. Они не так расчитывают, не так интерпретируют получаемые данные. И потому этот истошный, пардон, крик – «лжегенетик», «лжеученый». Похоже, что я им просто мешаю. И это у них переходит в истерику.

Давайте, ребята, не голосить, а каждый заниматься своим делом. Я не умею того, что умеете вы, а вы не умеете делать то, что умею я, и думать как я. Я «нутром чувствую» скорости мутаций и константы скоростей мутаций, я живу в их мире. Для меня это – раскрытая книга. Поэтому я как рыба в воде в гаплотипах, в мутациях в них, я знаю, гаплотипы какой протяженности подобрать для разных случаев анализа, потому что в одних мутации слишком частые, в других – слишком медленные. Первые – для недавних общих предков, вторые – для очень древних, вплоть до миллионов лет назад. Для последних – набор для самых «медленных» констант. Например, в DYS472 одна мутация происходит в 100 тысяч (!) условных поколений, то есть за 2.5 миллионов лет. Вот с такими бесполезно

работать в «исторические времена», но удобно работать с временами в сотни тысяч лет назад.

Теперь, уважаемый Игорь Тоноян-Беляев, я могу перейти к заданному Вами вопросу:

>мне кажется, что в основном в рассуждениях оперируют довольно частными выкладками, чаще всего забывая эксплицитно (пусть и очень-очень кратко) описать всю методологическую последовательность получения результата.

То, что Вы хотите получить, в формате данного Форума не получится. Для этого нужно самому плотно заниматься тематикой. Далее, описать «всю методологическую последовательность» без «довольно частных выкладок» не получится тем более. Потому что каждый этап методологической последовательности надо иллюстрировать на конкретных примерах. Именно потому я настоятельно советовал сначала прочитать ту серию из четырех статей по линкам, данным выше. Плюс ту статью-лекцию в «Математической морфологии», линк на которую я также дал, и пусть название журнала не пугает.

Я бы также отослал интересующихся к серии моих статей, ряд из них в соавторстве с И.Л. Рожанским, талантливым исследователем, в журнале Advances in Anthropology[216] (2011–2014). Лаборанты от науки причитают, что «он не индексируется». Меня это беспокоит меньше всего, я смотрю на статьи, а не на индекс.

Вот статья Underhill et al (2010)[217] была в индексированном журнале, наверное, а толку что? Оказалась в основных выводах неверной. Статья Клейна была, наверное, в чем-то индексированном, а толку что? Оказалась неверной. Индексированность – это, наверное, инструмент ВАК, или как она теперь называется, и имеет смысл, чтобы отсечь публикации соискателей в разных сборниках, которые никто не читает. А здесь – журнал, который читают десятки тысяч человек, посмотрите счетчик просмотров и «скачиваний»[218]. Но я попробую дать некую канву, и пояснить, что в Ваших вопросах имеет отношение к ДНК-генеалогии, и что имеет к «соседним» дисциплинам. Что касается книг, так они написаны. В книге «Происхождение человека» (М., 2010) на стр. 174 начинается Часть 2 – «ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ», и по сути вводная часть идет до стр. 251. А потом – обзоры по гаплогруппам от A до T, со всеми расчетами для сотен примеров. В ноябре 2014 г вышла книга «Арийские народы на просторах Евразии» (М.), и глава 1 там называется «Основы и главные положения ДНК-генеалогии» (стр. 12-1-41). Глава 5 – ископаемые гаплогруппы и гаплотипы (стр. 175–213). На подходе – учебник «ДНК-Генеалогия. Практический курс».

Так что на Ваш основной вопрос я уже фактически ответил.

Теперь коротко дополню по другим вопросам.

Вопрос 1 *(каким образом установлено, что тот участок Y-хромосомы, на котором затем выделяются классификационные локусы (снипы и т. п.), не рекомбинирует с X-хромосомой)* – для генетиков, им карты в руки.

Вопрос 2 *(какова, очень в целом, структура этого нерекомбинантного участка (понятно, без перечисления всех миллионов пар оснований, но с указанием того, какова длина и как выделяются микроучастки?)* – см. стр. 13–17 в книге «Арийские народы…», особенно стр. 14.

---

216 http://www.scirp.org/journal/aa/

217 Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J., Lin, A.A., Chow, C.-E.T, Semino, O., Battaglia, V., Kutuev, I., Järve, M., Chaubey, G., Ayub, Q., Mohyuddin, A, Mehdi, S.Q., Sanghamitra, S., Rogaev, E.I., Khusnutdinova, E.K., Pshenichnov, A., Balanovsky, O., Balanovska, E., Jeran, N., Augustin, D.H., Baldovic, M., Herrera, R.J., Thangaraj, K., Singh, V., Singh, L., Majumder, P., Rudan, P., Primorac, D., Villems, R., Kivisild, T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Hum. Genetics, 18, 479–484.

218 http://www.scirp.org/journal/HottestPaper.aspx?JournalID=737

Вопрос 3 *(как выделяются различные локусы, по какой причине выделяются именно они, и из чего они состоят? – не только аббревиатурами второго уровня абстракции, но и простой последовательностью АЦГТ, поскольку об этом средний человек еще имеет какое-то представление)* – см. п. 2

Вопрос 4 (*как устанавливается различная или одинаковая скорость мутации на различных участках этой нерекомбинантной части?)* – см. мои объяснения выше про пары отец-сын, на примере примерно 1700 пар в статье[219]. Об этом подробно будет в учебнике, который готовится.

Вопрос 5 *(как строится сама классификация гаплотипов, без отрыва от их материального соответствия?)* – тоже будет в учебнике, который готовится (Примечание, введенное позже – не очень понятно, что вкладывается здесь в понятие «классификация гаплотипов» – протяженность? Порядок и число маркеров? – см. первые главы в настоящей книге).

Вопрос 6 *(как эти гаплотипы объединяются в родственные, и на каком основании среди них определяется общий предковый гаплотип – присутствует ли он в самом наборе, или его нужно реконструировать?)* – см. п. 5. Дополнительное пояснение – см. статью по линку в журнале «Математическая морфология», там дан подробный пример с серией гаплотипов Киргизии. В том случае его и реконструировать не надо, он и так ясно виден. Но иногда нужно реконструировать по минимизации числа мутаций, и отсюда ясно, почему я в свое время ввел термин «базовый гаплотип», он не обязательно «предковый».

Вопрос 7 (*как характерные локусы в различных участках Y-хромосомы (несоседние) коррелируют между собой?)* – см. п. 5.

Вопрос 8 *(критический разбор всех методик определения возраста расхождения популяций с учетом различных локусов)* – элементарно, Ватсон. См. п. 5

Вопрос 9 *(можно ли считать, что скорость мутации одинакова, и экстраполяции в прошлое не зависят от глубины промежутка времени?)* – вся совокупность данных говорит о том, что не зависят. Если кто-то утверждает обратное – как правило, опирается на ошибочные данные, если вообще на что-то опирается. Датировка в 200 тысяч лет назад практически совпала по снипам и мутациям в гаплотипах. Датировка в насколько миллионов лет назад близка по мутациям в «медленных» гаплотипах и другим (антропологическим) оценкам. Во всяком случае, концептуально одни и те же данные. Примечание – см. выше в настоящей книге.

Вопрос 10 *(на каком основании, кроме выделения ДНК из одиночных останков и ареала современного распространения носителей того или иного [суб]клада, устанавливается ареал носителей данного [суб]клада в конкретный исторический промежуток? – особенно, лежащий глубже в веках, чем начало первых городских цивилизаций – где разобраться проще)* – анализируется динамика мутаций в гаплотипах и их соответствующая датировка по всей Евразии (например), желательно с привлечением данных по ископаемым гаплотипам. Но и без них многое было найдено по мутациям в Y-хромосоме, и ископаемые гаплотипы подтвердили. Иногда ископаемые гаплотипы дали информацию, по которой не было данных по современным гаплотипам. Иногда экстраполяция по современным гаплотипам давала, скажем, 3600 лет назад, а ископаемые (того же субклада) нашли с датировками 7000 лет назад. Значит, было бутылочные горлышко популяции.

Конкретный пример – я уже давно (2012) опубликовал статью по эрбинам (R1b)[220],

---

219 Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

220 Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 87-105

описал, что они вышли из Южной Сибири примерно 16 тыс лет назад (так показали датировки), в районе Урала они имели 7000 лет назад, на Кавказе – 6000 лет назад, в Анатолии – 6000 лет назад, у предполагаемых предков шумеров 5500 лет назад, то же у ближневосточных евреев (той же гаплогруппы) – 5500 лет назад, на Пиренеях -4800 лет назад, там же у басков – 4000 лет назад, в Центральной Европе – 4500 лет назад (в том числе ископаемые R1b в Германии), на Островах – 3500 и 200 тыс лет назад (разные субклады).

Ну и в какую сторону шли миграции? В каком направлении? (вопрос Alex – «Ещё было бы интересно понять, каким образом определяются направления перемещения гаплогруппы).

Anatole A. Klyosov:

>ОлегГубарев: Но приписывать ДНК-генетике ведущую по отношению к истории роль в исторических исследованиях, насколько я понял, неправомочно.

Я не знаю, что такое ДНК-генетика, видимо, что-то близко к физической физике. Но если речь о ДНК-генеалогии, то откуда Вы взяли про «ведущую роль по отношению к истории»? Не знаю как кто, но я такого никогда не слышал.

Поскольку Вы упорно не хотите читать статью в Математической морфологии, линк на которую дан выше, то придется процитировать:

>То, что еще несколько лет назад казалось каким-то развлечением, оказалось, дает истории, антропологии, археологии, лингвистике возможность проверить концепцию, рассмотреть данные под принципиально другим углом, связать воедино казалось бы разрозненные части общей картины наших знаний об окружающем мире. Разумеется, не следует понимать буквально слова выше, как то, что отныне не нужно читать фолианты, изучать языки, и не проводить археологических раскопок. Напротив, это все приобретает еще большую значимость и ценность, поскольку усиливает выводы традиционных подходов в совокупности с выводами ДНК-генеалогии, при условии взаимного их согласования. Или, напротив, заставляет пересматривать казалось бы устоявшиеся выводы, если они входят в явное противоречие с данными ДНК-генеалогии.

Из другой статьи:

Вводится понятие «молекулярная история», то есть исторические исследования с привлечением в виде основного инструмента молекул ДНК (Y-хромосомы), дополняющие и корректирующие результаты традиционных исторических исследований, и по принципу обратной связи корректирующие результаты и подходы самой ДНК-генеалогии.

Anatole A. Klyosov:

>В чём суть языка эрбинов….? Если это большая часть неиндоевропейских языков примерно запада Евразии, то ведь в консервативных классификациях это неродственные языковые семьи и изоляты!

Во-первых, не «запада Евразии», а по миграционному пути эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, от Южной Сибири до Европы, в которой в прошлой эре было множество неиндоевропейских языков. Часть из них, включая (наиболее вероятно) баскский, и завершали миграционный путь эрбина по всему этому огромному пути, длиной во многие тысячи лет и многие тысячи километров.

Для Вас это «неродственные языковые семьи и изоляты», потому что Вы не знаете ответа и не можете их последовательно увязать друг с другом, во всяком случае те, что должны увязываться. Поэтому Вы поднимаете руки и говорит – «не знаю», это по сути и есть Ваш комментарий.

Я тоже не знаю, но я не поднимаю руки, а пытаюсь найти некое связующее звено между ними. И вижу эту связку как гаплогруппу R1b в динамике миграции. Похоже, что это

«изоляты» дене-кавказских языков, от енисейских до баскских, плюс ряд американских языков, потому что это в принципе та же родительская гаплогруппа P.

Но поскольку я прекрасно знаю, что Вы сейчас зашумите, что этого не может быть (потому что этого не может быть никогда, других аргументов у Вас ведь нет, не так ли?), то я говорю – хорошо, пусть будет язык эрбин, а когда найдете связку с дене-кавказскими, то придете, извинитесь, и переназовете, или придумаете еще одно новое название.

>Почему же нужно связывать их всех или почти всех с гаплогруппой R1b? Другие гаплогруппы были немыми?)

Ну так карты в руки, свяжите с другими гаплогруппами, покажите миграционные пути, симбатность, пусть частичную, языков-изолятов и других гаплогрупп в тех регионах в глубокой древности.

Не нужно негативных комментариев, оперируйте позитивными. Это более конструктивно, чем просто отвергать.

>И почему в таком случае африканский субклад этой гаплогруппы не связывается с эрбинами?

Почему же не связывается? Они эрбины по гаплогруппе, которые, видимо, сошли с миграционного маршрута по северной Африке на запад примерно 5000 лет назад (возможно, 5100–5200 лет назад), и углубились в Африку, выбрали свободу. Их датировка там, в Камеруне-Чаде – примерно 4400 лет назад. Говорят на языках банту и других местных языках. Свой исходный язык не сохранили, обычное дело.

Я не лингвист, и не решаю вопросы лингвистики. Я даю вам, лингвистам, кончик веревочки, вам остается потянуть. Не хотите, не надо, я не навязываю. Но идущий за мною сильнее меня (С)

Anatole A. Klyosov:

>Уважаемые популяционные генетики, не могли бы вы прокомментировать доводы А. Клесова касательно констант скоростей мутаций, определяемых по Животовскому?

>Цитата – О. Балановскому: После Вашего ответа многое прояснилось.

Интересно. И что же прояснилось? Ответ на простой вопрос не дан, вместо того Балановский просто замотал ответ в многословной пустой говорильне. О «методе Животовского» не было упомянуто ни слова.

Ответ очень прост – «метод Животовского», он же «популяционный метод» завышает датировки примерно на 300 %, и приводит к полностью неверным результатам, и, соответственно, к их неверным интерпретациям. Наглядные примеры даны выше – статья Underhill et al, 2010[221] дала датировки для предковой западно-славянской (в значительной степени) популяции в 8-10 тысяч лет вместо 4000 лет, на основании чего Клейн увел славян в мезолит, и долго рассуждал о невозможности для них индоевропейских языков. То же и про Индию. Есть хоть слово об этом в говорильне Балановского? Естественно, нет. И так во всех его комментариях и «объяснениях» – никогда по сути, постоянные передергивания, искажения. Вместо моих научных статей комментируются популярные, часто семилетней давности. Такой же пример – подписант Соколов, цитирует популярные статьи восьмилетней давности, у которых другой жанр. Научные статьи на ту же тему он не трогает.

А неспециалисты говорят, что «многое прояснилось». Чудеса…

---

221 Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J., Lin, A.A., Chow, C.-E.T, Semino, O., Battaglia, V., Kutuev, I., Järve, M., Chaubey, G., Ayub, Q., Mohyuddin, A, Mehdi, S.Q., Sanghamitra, S., Rogaev, E.I., Khusnutdinova, E.K., Pshenichnov, A., Balanovsky, O., Balanovska, E., Jeran, N., Augustin, D.H., Baldovic, M., Herrera, R.J., Thangaraj, K., Singh, V., Singh, L., Majumder, P., Rudan, P., Primorac, D., Villems, R., Kivisild, T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Hum. Genetics, 18, 479–484.

Anatole A. Klyosov:

>Максим (в ответ на совершенно вязкий комментарий Балановского по скоростям мутаций): *Спасибо большое. В принципе, все понятно. В частностях буду разбираться:)*

Не «все понятно», а просто неверно. Балановского все время приходится ловить за руку. Мало того, что его «ответы» вязки и запутанны, но к тому же содержат частокол ложной информации. Или дают третьестепенную «правду», как правило уже общепризнанную, наряду с первостепенной ложной или неполной информацией.

Вот и здесь. Цитирую Балановского: *«И почему мои многократные призывы порадоваться тому, что с появлением полных сиквенсов Y-хромосомы проблема почти снимается, не уверен, что даже услышаны».* И хорошо, что не услышаны, потому что это опять неправда. Она, проблема, то есть расчеты датировок, будет снята, и к ней наука постепенно приближается, но нынешнее состояние расчетов у попгенетиков далеко от удовлетворительного и даже приемлемого. Пример – в последней статье Underhill et al (2015)[222].

Авторы (32 человека) применили три подхода для расчета датировок.

– Один – «метод Животовского» (скорость 0.00069, безумно заниженная), и для польских R1a-M458 получили 10712±3914 лет. Я уже писал о безграмотности такой «точности», тем более при трехратной ошибке в скорости, ну да ладно, там проблема более высокого ранга.

– Другой – «генеалогические скорости», получили 2957±1080 лет. Я уже писал, что и «генеалогические скорости» взяли неверные, завышенные. Выбор их был совершенно безграмотным, почему именно 0.0025? На каком основании? А так, дали ссылку. Раньше попгенетики брали 0.0020. Почему? На каком основании? А так.

– Третий – по снипам на фрагменте Y-хромосомы размером 10 Мв. Какая же там скорость (частота) появления снипов, чтобы можно было по ним вести расчеты? Авторы пишут, что данные противоречивы, по одним данным частота появления снипов раз в 100 лет, по другим в 122 года, по третьим в 151 год, по четвертым раз в 162 года. Что делают авторы? А просто выбирают раз в 122 года. Хоть одно слово в обоснование этого выбора в статье? Нет ни одного. Типичная попгенетика. Назвать это «лженаукой», следуя лексикону подписантов? Нет, элементарная безграмотность, отсутствие научной школы, принцип «и так сойдет».

Далее, поскольку нашли, что по восьми носителям гаплогруппы Rla-M4l7 среднее число снипов до настоящего времени равно 48, то умножили 48 на 122 и получили 5856, и округлили до 5800 лет как «возраст» субклада M417. А взяли бы 100 лет на снип, получили бы 4800 лет как возраст M417. Взяли бы 162 года, получили бы 7800 лет. Замечательно, не так ли?

Я уж и не говорю, что такое «среднее» количество снипов для восьми человек, равное 48. Может, там 48±30? Как же можно не давать такую информацию?

Для сведения, методы ДНК-генеалогии дают 7000 лет для «возраста» R1a-M417. Желающие увидеть картину шире могут заглянуть сюда: http://r1a.org/

Иначе говоря, если принять наши данные за калибровку, то снипы образуются в среднем примерно раз в 146 лет, если там по статье действительно 48 снипов (погрешность по 8 образцам там тоже не дана). Думаю, те, кто работают с подходом YFull, с этим согласятся (Примечание – компания YFull через несколько месяцев после этой дискуссии приняла 144 года на снип – ААК).

---

222 Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.

Так что фраза Балановского «с появлением полных сиквенсов Y-хромосомы проблема почти снимается» эквивалентна фразе «с дальнейшим развитием науки проблема будет решена». Но цитируемая статья опубликована сейчас, в 2015 году, и показывает уровень «решения проблемы» попгенетиками. И что важно – как они ее решают. «И так сойдет».

(Примечание: почти через год после этих моих объяснений Балановский опубликовал свои ровно те же свои малограмотные соображения о том, что *с появлением полных сиквенсов Y-хромосомы проблема почти снимается, где* ни слова не было про мои рассмотрения выше, см. статью «Балановщина» в конце этой книги. Он действительно необучаем).

Вот почему я столько критикую расчетные «подходы» попгенетиков, и, заметьте, без переходов на личности. А виляния на тему «мы применяем разные методы расчета» – это просто виляния. Перед нами несколько «эпохальных статьей», как их подают попгенетики, с одной Л. Клейн уже пролетел, исказив «историю славян». С другой пролетели и Клейн, и Семененко, и Википедия, и еще масса людей, поверив датировкам по R1a Индии размером в 14 тысяч лет (!), и построив целую «автохтонную теорию» для R1a там. По моим же данным – второе меньше, и тогда всё с ариями и их миграциями в Индию встает на свои места.

Вот в чем большая проблема с попгенетиками. И они, подумать только, встают в обличительную позу!

Anatole A. Klyosov:

>Игорь Тоноян-Беляев:…могу Вам совершенно ответственно сказать, что ни индоарийские, ни индоиранские (собственно арийские) языки из славянских или даже балто-славянских невыводимы в принципе и Вашей классификационной схеме не соответствуют.

Откуда Вы это взяли у меня? Что за «классификационная схема», откуда Вы ее взяли? Я думаю, что Вам, уважаемый Игорь Тоноян-Беляев, нужно освоить принципиальное положение в дискуссии – не пересказывать своими словами, играя в испорченный телефон, а цитировать. Тогда таких недоразумений не будет. Это – не признак добросовестной науки. Пояснение – в моей цитате ниже.

>Не знаю, чем Вы руководствуетесь, применяя термин «арии» к славянам, а термин «славяне» – к ариям… Только вот, к сожалению, славяне в рамках индоевропейской семьи языков не только не могут быть предками («предковым состоянием») по отношению к индоиранцам, но даже не образуют с ними никакого особого кластера.

«Славяне – предки индоиранцев»?? То, что Вы пишете, к сожалению – Ваши фантазии. См. цитату ниже.

К сожалению, Вы (как и большинство других, судя по их «замечаниям») так и не прочитали статьи по линкам, приведенным мной выше. В частности, http://pereformat.ru/2014/12/ balanovskie/. Вы продолжаете опираться на лживую «информацию», предоставляемую здесь Балановскими, Клейном, Лебедевым и другими.

Перехожу к обещанной цитате (см. линк выше). Это – комментарий по слайду Балановского, приведенного на недавней конференции по карачаево-балкарцам. Название слайда гласило: «ДНК-генеалогия: «Арии – это славяне». Книга – «Происхождение славян…» (Замечаете – именно это название слайда Балановского Вы используете). Балановский и здесь повторяет это опять и опять. Хотя мой ответ по линку выше он читал.

Цитата из моего ответа:

«Название слайда – ложь, причем ложь злонамеренная. В книге слово «арии» повторяется 128 раз, на 510 страницах. Ни разу – в виде «Арии – это славяне». Да и бессмысленно так говорить, поскольку арии и славяне относятся к разным историческим эпохам. Поэтому в книге по всему тексту эта генеалогическая связь (именно так – генеалогическая) идет в виде – даю примеры – «арии – потомки праславян (стр. 7), «наши предки – арии» (стр. 27), «праславяне-арии в Европе и за ее пределами» (стр. 31), «Праславяне там жили. Арии. «Индоевропейцы». Наши предки. Род R1a…» (стр. 37).

И отчего же они не потомки праславян, и не наши предки, когда арии жили на Русской

равнине как минимум сотни лет, а то и тысячелетия – это зависит от того, какое определение давать «ариям» и «праславянам», и оттуда частью ушли в Месопотамию, Индию, на Иранское плато, и даже сейчас протяженные гаплотипы их потомков очень близки к нам, современникам, этническим русским гаплогруппы R1a. Эти гаплотипы продемонстрированы во второй части настоящей статьи, где показано, что гаплотипы современных индийцев гаплогруппы R1a – почти идентичны гаплотипам современных этнических русских той же гаплогруппы.

Потому что общий предок был один и тот же, и жил он на Русской равнине в географическом понятии этого термина. Почему же они не наши предки? Но – праславяне, а не славяне, как передергивает Балановский под видом цитирования. Или предки праславян, или их потомки – опять же зависит от определений, которых у историков пока нет.

Продолжаю цитировать книгу: «арии и славяне (во всяком случае от половины до трех четвертей славян) это один и тот же род, имевший общего предка, и языки у них обязаны расходиться из одного общего корня. Они и сейчас похожи, как видно из сопоставления русского языка и санскрита» (стр. 28).

«Арии – прямые потомки тех, кто пришли на Балканы в те времена, и имеют эту характерную мутацию в своей Y-хромосоме. Естественно, понятие арии стоит относить к древним ариям, но мы, носители гаплогруппы R1a – их потомки» (стр. 91).

«Арии не могут быть заменены словом «славяне»» (стр. 264).

В ответ на столь же безграмотную критику, что «Арии замещаются словом славяне» (стр. 263), я отвечаю (стр. 263–264):

Это – очередной пример, что даже когда пишешь популярно (процитированы именно научно-популярные, а не научные статьи), многие не понимают довольно элементарных вещей. Дело в том, что даже при крайнем разжевывании не всем удается проглотить. Я уже здесь ничем помочь не могу, кроме как дать очередное разъяснение, что сейчас и делаю. Арии не могут быть заменены словом «славяне», если этому не дать соответствующего определения, что такое арии и что такое славяне. Славяне, повторяю, бывают разные, в зависимости от контекста и определений. Есть славяне «лингвистические», и тогда ариями они никак не могут быть. Есть славяне, относящиеся к гаплогруппе R1a, и тогда они вместе с ариями относятся к одной гаплогруппе, к одному роду. То есть они – потомки одного и того же общего предка, предка данной гаплогруппы. Они – одного рода-племени (впрочем, здесь опять надо давать определение, что есть племя). Нельзя впустую критиковать, не определив объект критики, и не предлагая свое собственное решение.

А Балановский опять повторяет такие же безграмотные высказывания, как и цитируемый безымянный «критик». Да, собственно, сам же Балановский цитирует на том же слайде аннотацию Издательства: «Книга разрушает табу на изучение… происхождения славян он ариев – древнейших жителей Русской Равнины».

«Происхождения от ариев», понятно? И тут же якобы «цитирует»: «Арии – это славяне». Что, не передергивание? Это не цитата. Это ложь.

>Вторая проблема, на которую Вы могли бы при желании обратить внимание, состоит в том, что Вы используете фрагментарные данные глоттохронологии, выбрав только одну, заниженную оценку. На самом деле, среди современных индоевропеистов нет консенсуса до сих пор: (одни) ученые… склонны занижать датировку распада индоевропейской общности (но все равно никогда не делают ее позднее 3500 г. до н. э.). Другие ученые… указывают… более глубокие датировки… к примеру, что распад только праиранского на отдельные диалекты уже имел место примерно ок. 2500 г. до н. э. (с доверительным интервалом в 200 лет). Из этого следует, всего-навсего, отнюдь не то, что-де «у лингвистов непорядок», а то, что у Вас пока нет соответствующего материала, с которым Вы могли бы проводить строгое установление соответствий раз и навсегда.

Вас не затруднит привести конкретные цитаты из моих работ, которые свидетельствовали бы о «заниженных» оценках» по сравнению с 5500 лет назад для «распада

ИЕ общности» (этот оборот я не употребляю, в ДНК-генеалогии другая терминология, а именно расхождение гаплогрупп на субклады) или 4500 лет назад для «распада праиранского на отдельные диалекты» (это оборот не употребляю по той же причине).

Но я Вам подскажу. У меня фигурирует именно 5500 лет назад (с соответствующей расчетной погрешностью) для расхождения субклада R1a-Z645 на Z93 и Z283, что вполне можно поставить в соответствие «распаду ИЕ общности», и 4500 лет назад для расхождения носителей гаплогруппы R1a с Русской равнины на юг, в Месопотамию, на юго-восток, в сторону Средней Азии и далее Иранского плато, и на восток, в сторону Южного Урала и далее в Индию. Последнее можно поставить в соответствие с «распадом праиранского на отдельные диалекты».

Что скажете? Забираете слова обратно, хотя здесь это не принято?

Anatole A. Klyosov:

>Получается, что если Вы правы, то уже ок. 3000 г. до н. э. индоевропейцы (арии, славяне – в данном случае название не столь принципиально) занимали гигантский ареал – от Русской Равнины до Южной Месопотамии. Можете ли Вы это как-то пояснить?

Не около 3000 лет до н. э. (5000 лет назад), в это время (или на несколько веков позже) арии (не славяне, конечно, по нынешним определениям) только выходили с запада (с Балкан?) на Русскую равнину. И даже позже, после 4500–4000 лет назад (середина III тыс – начало II тыс до н. э.) они вряд ли «занимали гигантский ареал». Это были, скорее всего, ограниченные вкрапления – митаннийские арии, хетты (возможно), авестийские арии, арии Южного Урала, зауральские арии, которых позже назвали скифами.

Anatole A. Klyosov:

>АГХ:…вы не считаете Русскую равнину частью Европы (как принято в географии, насколько знаю), даже если прямо об этом не говорили.

Дорогой безымянный друг,

вы подтверждаете мои опасения, о которых я говорил ранее. Да, Русская равнина, она же Восточно-Европейская равнина, является частью Европы, включая в себя территории Восточной Европы. Но то, что западнее, включая Австрию, Гальштатт, Ла Тене, то есть «классический регион ископаемых кельтов», она все-таки не включает. Поэтому когда я говорю о продвижении носителей R1a с Русской равнины в Европу, в указанные регионы, в II и I тыс. до н. э., я вполне аккуратен в высказывании. Но печалит меня не это. А то, что вы опять пытаетесь подлавливать меня на мелочах. Любой прекрасно понимает, что я имею в виду, и какое направление продвижения – «с Русской равнины в Европу». Неужели это нужно объяснять? Это и есть ваш уровень мышления? Если так, примите соболезнования.

Я же вам предложил – не прыгайте блохой по моим оговоркам, они бывают, иногда я выбираю сравнительно вольные выражения. Я исхожу из того, что не-дебил поймет. Но, как видно из сего примера, понимают все-таки не все. Или им просто хочется попрыгать тем самым насекомым. Но уж тогда не просто прыгайте, а предложите свою продвинутую концепцию. По кельтам, например. Обогатите науку. Я тогда вас похвалю.

Anatole A. Klyosov:

>Игорь Тоноян-Беляев: Жарникова не является ни в какой мере лингвистом или специалистом по родству языков, и ее рассуждения об «обнаружении» на севере России рек и озер с названиями из «Махабхараты» не выдерживают никакой критики…

Благодарю, это – первое информативное сообщение из всех, которые были мне (или обо мне) адресованы в этой «дискуссии». Но заметьте, что ни один из топонимов или гидронимов из списка Жарниковой не прозвучали ни в одной из моих научных или популярных статей. Ссылок на ее работы у меня тоже не было, за исключением весьма

критической в отношении «гипербореев»[223]:

«Я слышал не раз положения С. Жарниковой, связанные с арийскими топонимами и гидронимами на Русском севере, но причем здесь «северная прародина ариев»? Причем здесь Тилак? Это же совершенно не связанные вещи. Да, Жарникова утверждает (или предполагает), что «цивилизация началась в районе Северного полюса», но где к тому исходные данные? Вера в воззрения Тилака, и всё? Для науки этого мало».

Так что Ваша фраза «Надежнее проверяйте свои источники, пожалуйста» несколько зависает, в моих источниках С. Жарникова не числится. Но я полагал, что арийская топонимика на Русском Севере – это общеизвестная информация, и не раз слышал, что до С. Жарниковой это было довольно подробно разобрано в других, значительно более ранних книгах. Если Вы полагаете, что это не так, я прислушаюсь, но по настоящему принять это мне мешают два следующих «фактора».

Во-первых, непременная в снобистских кругах фигура речи, что она «не является ни в какой мере лингвистом или специалистом по родству языков». На мой взгляд, это соображение очень низкого ранга. Вон, Клейн в истории специалист, а что нагородил в исторических интерпретациях, о чем я довольно подробно писал выше. Балановские в попгенетике специалисты, а что нагородили в той статье, на основании которой нагородил Клейн?

С другой стороны, я вовсе не был специалистом в сопромате и материаловедении, пока не разобрался, и моя книга по этой тематике объемом в 700 страниц опубликована ведущим американским издательством (см. amazon.com), уже восьмой год остается единственной на книжном рынке мира, переведена на другие языки, уже восьмой год приносит мне хорошие деньги, и делает меня желанным судебным экспертом в любом судебном процессе по данному вопросу (где потребители судят производителей, а производители судят поставщиков). Это, кстати, оплачивается еще на порядки выше. Я бы это не стал писать, но Лебедев сюда уже вбросил свои плаксивые жалобы на мои высокие доходы. Заодно полностью наврав про «инсайдерский вброс акций». Этого не то, что не было, но и быть не могло. Об этом я рассказал в статье[224]. Он об этом знает, читал, но остановится не может, рассчитывая на доверчивую аудиторию, к тому же уже одураченную.

Так что «аргумент» «не является специалистом» я в общем случае не принимаю. Мне нужны не шашечки, мне нужно ехать.

Во-вторых, меня напрягает фраза «не выдерживают никакой критики». Это фраза еще более низкого ранга. Я встречал в сети много раз, что теории Эйнштейна «не выдерживают никакой критики», список можно продолжить в отношении любого и любой. Язык без костей. Я предпочитаю видеть именно критику, а уж выдерживает или нет – я сам разберусь, с помощью критикующего, желательно. Так была критика или ее не было? Я Вам уже давал информацию со своей стороны, теперь ожидаю взаимности от Вас – дайте, пожалуйста, конкретную ссылку на доступный источник по конкретному лингвистическому разбору списка Жарниковой. Только не на один выдернутый топоним, а на все в ее списке. Если такового нет (что вполне может быть), то Ваше мнение, пардон, не засчитывается. Или оно относится к отдельным, выдернутым топонимам.

(Примечание: ссылка И. Тонояном-Беляевым дана не была).

Anatole A. Klyosov:
>Как вы можете писать, будто использование сведения инсайдеров невозможно?
Вы, дорогой никто, не уловили, что «невозможно» – я писал именно про себя, а не про

---

223 http://pereformat.ru/2013/06/hyperborea/

224 http://pereformat.ru/2015/01/lebedev/

инсайдеров вообще. Как вы представляете, я, живя четверть века в США, читаю и слышу время от времени про инсайдеров. И вы опять не последовали моему совету прочитать статью по линку, которую я там же приложил, про лживость Лебедева, и там же объяснил, почему это со мной было невозможно. Повторю для людей с негативным строением мозга. Я, как главный научный сотрудник компании, не могу продавать акции без утверждения советом директоров компании. Более того, совет никогда не даст мне продать сразу много акций, именно потому, что я осведомлен, потому и инсайдер. Поэтому совет директоров разрабатывает и утверждает план моей продажи акций, растянутый на много месяцев. Я его уже не могу контролировать, акции продает уполномоченный брокер, строго следуя плану. За время продажи акции гуляют в цене согласно рынку, они могут и обесцениться на порядок, и все равно обязаны быть проданы согласно плану. Это делается именно для того, чтобы я, как инсайдер, не имел преимуществ по сравнению с любым другим держателем акций.

Поэтому вы про других инсайдеров говорите, в основном тех, кому сообщают информацию.

Но одного не могу понять – при чем здесь ДНК-генеалогия?

Anatole A. Klyosov:

Длинный спор о Рюриковичах решен уже полтора года назад, причем методами ДНК-генеалогии[225]. А сейчас добавилось то, что на территории России, Украины, Белоруссии практически нет потомков скандинавов. У тех – четко идентифицируемые «метки» как в гаплотипах (см. линк выше), так и свои субклады, которых на перечисленных территориях нет.

Вот и цитата из статьи Underhill et al (2015)[226] – «We found R1a-Z284 to be extremely rare outside Scandinavia». Кто не знает индекса – это «скандинавская ветвь R1a». В России ее действительно нет. А раз нет потомков – то не было и предков, во всяком случае, не обнаружены. Куда же делись те якобы скандинавы, во множестве, согласно, «норманской теории», заселявшие Русь?

Ответ просто – это были не скандинавы, а те же славяне, русы, как хотите называйте. А то, что у них были скандинавские мечи – что странного? У меня есть пистолет «Беретта», но я не итальянец (и лицензия есть, можно не строчить тут же донос). Зовут Анатолием – но точно не грек. Вывод – норманская теория построена на порочной методологии.

Anatole A. Klyosov:

>Вас уже в связи с ариями критикуют даже антинорманисты (я, кстати, тоже из их числа) и сторонники Трубачевской теории этногенеза славян, как профессиональный историк – Максим Жих.

Да ради Бога, пусть пишут. Вы же не цитируете важные его замечания, типа – «я, в отличие от некоторых недобросовестных оппонентов не приписываю Клёсову тезис “гаплогруппа равно этнос”, у него этого нет». А здесь целая группа от этого ложного тезиса с ума который день сходит.

Я, читая, такую критику, вполне понимаю, что автор исходит из своей парадигмы, и не «врубается» в мою. У него арии – чисто лингвистическая категория, у меня –

---

225 http://pereformat.ru/2013/02/ryurikovichi/

226 Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.

генеалогическая, историческая. Они не обязательно пересекаются. Понятно, что он недоумевает. А рецепт прост – надо просто попытаться понять, что хотел сказать «критикуемый» автор. Я же его понимаю, а он меня понять не хочет, или не может. Вот в чем проблема.

Я про то, что «ностратики» в понимаемом (некоторыми) лингвистами виде быть просто не могло, а он возражает, что многими трудами создан ностратический словарь. Это что, аргумент? И не зря ему в дискуссии после текста процитировали, что ностратическую теорию вообще мало кто принимает. И это опять проблема – человек дискутирует по своим «понятиям», частью своего мировоззрения, и его абсолютизирует. А у меня другие понятия и определения, которые я создал и сформулировал, другое мировоззрение, и кто мне может «по понятиям» их запретить? Аргументы критиков ведь тоже «по понятиям», вот и ходит критик параллельно моим понятиям и определениям, и называет их «неряшливыми». А они просто другие, потому что парадигма другая.

В такой дискуссии победителей не бывает. Максимум что можно – это объяснить свою парадигму. А все почему-то хотят чужую заклеймить, запретить, а часто и оклеветать. Вот в чем настоящая и большая проблема в современной российской науке, или в ее части, как попгенетика, норманизм, ряд гуманитарных направлений.

Я сторонник того, что каждый должен развивать свои подходы, и не подключать обвинительный аппарат. При обвинениях наука не продвигается, просто запутывается или даже деградирует. Хочешь – сотрудничай, работай вместе. Не хочешь сотрудничать – занимайся своим делом. А то даже систему обвинений придумали – он славян, русских поднимает. Интересно, от кого такие «обвинения» могут исходить? И что плохого в том, что я «поднимаю» славян и русских, если при этом использую корректные методы ДНК-генеалогии? Кто, кроме русофоба, может выдвинуть такое «обвинение»?

Anatole A. Klyosov:

Эк гражданин Клейн меняет показания… То у него «*верю большому коллективу высокопрофессиональных популяционных генетиков, Клёсову не верю»,* то *«если бы Клёсов ограничился спорами о датах, его бы все принимали всерьез».*

Так датировки и есть основа ДНК-генеалогии. В этом она принципиально отличается от попгенетики. Все остальное – интерпретации, которые, естественно, последовательно адаптируются к новому знанию. Нормальное дело, так в любой науке. Из-за чего тогда весь сыр-бор? Тем более что уже всем стало ясно, что ваше «он славян в одну гаплогруппу помещает» – это подтасовка. Не было этого. И что остается?

Anatole A. Klyosov:

>Alex: Так что же всё-таки с методом ««отец-сын»? Пусть у нас неограниченно денег и времени, возьмём 10 000 отцов и сыновей, прочитаем у каждого по 1000 маркеров – мы получим окончательные, устраивающие всех величины скоростей? Или против такого способа есть какие-то принципиальные возражения?

Принципиальных нет, а реальные есть. 10 тысяч пар «отец-сын» мало, нужно миллион пар. Такой эксперимент пока трудно представить, да он и ни к чему, так как вопрос уже практически решен.

Поясняю. Когда взяли 1700 пар «отец-сын», то из 111 маркеров в 17 вообще не было мутаций, в 15 маркерах было по одной мутации, в 11 маркерах было по две мутации, в 24 маркере вообще мутаций не определяли. Таким образом, 67 маркера из 111, то есть две трети маркеров, для расчетов оказались бесполезны, поскольку считать константы скоростей по 1–2 точкам (статистического) смысла не имеет, да и там, где оказалось 3 мутации в маркере, как правило, их было нельзя принимать всерьез. Например, три мутации проскочили в общеизвестном «медленном» маркере (DYS393), а две мутации – в общеизвестном «быстром» маркере (DYS390). Те, кто когда-либо бросал монету, это прекрасно понимают.

Если кому интересно, вся эта статистика по всем 111 маркерам по тем 1700 парам (и

другим подобным экспериментам) подробно описана в журнале «Вестник Академии ДНК-генеалогии», том 7, № 3, 2014, стр. 438–478. На самом деле этот обширный эксперимент полезен, но скорее как «концептуальный», показывающий, что наблюдаемые частоты мутаций находятся в «концептуальном» соответствии с калиброванными величинами констант скоростей мутаций в ДНК-генеалогии, но не применимы для расчетов. Хотя попгенетики, не глядя на эти цифры, или глядя, но не понимая, именно по ним «ведут расчеты». Неудивительно, что получается ерунда, но зато «индексируемые журналы», хе-хе.

Поэтому если взять не 1700 пар «отец-сын», а 10000, будет принципиально то же самое, многие маркеры не покажут мутаций. Миллион пар подойдет, хотя и там DYS472 покажет в среднем 10±4 мутаций, и многие маркеры дадут не более 20–30 мутаций, но в данной ситуации это можно считать приемлемым.

>Изменения числа повторов могут быть не только на единицу (за одно поколение)? Если два гаплотипа отличаются на 3 повтора в одном маркере, можно ли сказать: это три разные мутации, или одна мутация сразу на три?

Могут быть не только на единицу, а и на 3–4 мутации за одно поколение. Но это бывает очень редко. Как известно, и крокодилы летают, но очень низко. Во всяком случае на расчеты это практически не влияет. Если из 600 мутаций в серии гаплотипов 4 оказались «скачком», то это даст менее 1 % погрешности. А мы часто работаем с тысячами мутаций. Есть и так называемые мультикопийные маркеры, но все это достаточно легко выявляется и учитывается при расчетах.

Anatole A. Klyosov:

Я комментирую там, где можно давать относительно короткие ответы. Но ответы на более комплексные вопросы требуют представить основания, более того, они, ответы, не всегда однозначны, их следует давать с вариантами. Это – не для данного формата обсуждения. Далее, практически все, что здесь обсуждается с моей стороны, и что касается задаваемых мне вопросов, опубликовано, я не могу здесь повторять статьи. Наконец, мои статьи делятся на научные и научно-популярные, и здесь почему-то «критикуются» именно научно-популярные, у которых другой жанр. Научные, с более «сухими» формулировками и определениями, «критиками» не затрагиваются. Это случайно, как Вы полагаете?

Список моих статей в ДНК-генеалогии в академической печати дан по одному из четырех линков, с которого я начал свои комментарии.

Теперь к Вашим вопросам (опять же, для более детальных описаний см. Advances in Anthropology, 2011–2014) http://www. scirp.org/joumal/aa/

>1) Вы утверждаете, что арии / индоевропейцы / праславяне находились до середины 3 тыс. до н. э. только в Восточной Европе или на Русской равнине

Нет, не обязательно. Поскольку самые архаичные (по мутациям и древним субкладам) гаплотипы гаплогруппы R1a рассеяны по всей Европе, то ареал их обитания уходил, видимо, далеко на запад от Восточной Европы. Совокупность данных позволяет датировать их приход в Европу (видимо, на Балканы) не позднее 9–8 тыс лет назад. Праславянами они тогда быть, естественно, не могли, что же касается «ариев» или «индоевропейцев», то это зависит от определений. Нет никаких четких данных, что до середины III тыс до н. э. (4500 лет назад) они продвинулись восточнее или южнее Русской равнины. В цитированной здесь статье Underhill et al (2015)[227] авторы нашли 18 иранцев и трех восточных турок с

[227] Underhill, P.A., Poznik, G.D., Rootsi, S., Jarve, M., Lin, A.A., Wang, J., Passarelli, B., Kanbar, J., Myres, N.M., King, R.J., Cristofaro, J.D., Sahakyan, H., Behar, D.M., Kushniarevich, A., Sarac, J.S., Saric, T., Rudan, P., Pathak, A.K., Chaubey, G., Grugni, V., Semino, O., Yepiskoposyan, L., Bahmanimehr, A., Farjadian, S., Balanovsky, O., Khusnutdinova, E.K., Herrera, R.J., Chiaroni, J., Bustamante, C.D., Quake, S.R., Kivisild, T., Villems, R. (2015) The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a. European Journal of Human Genetics 23, 124–131.

архаичными гаплотипами и субкладами (R1a-M420) и еще 5 иранцев древнего субклада (R1a-SRY10831.2), и тут же, как принято у попгенетиков, поместили их «прародину» в Иран. Где что найдут, там и прародина. Однако точно такие же гаплотипы (с характерным DYS392=13) рассеяны по всей Европе, в базе данных IRAKAZ есть 18 гаплотипов M420 (из них 9 в Англии, Шотландии и Ирландии и 3 в Германии, остальные единичные), есть трое SRY10831.2 – в России (Тамбов), Белоруссии и в США (это, понятно, не считается), и 12 гаплотипов так называемой «старой европейской ветви», среди них Англия, Шотландия, Германия, Македония.

Так что ничего специфически «иранского» там нет. Гаплотипы те же, что в Европе, только в Европе их больше. Теперь о датировке – статья Underhill (2015)[228] дает, как водится, две противоречивых датировки для этих иранцев-турок: 9317±2536 лет (метод Животовского) и 2571±700 лет («генеалогический метод»). Цену первого мы знаем, второй сам по себе никакой древности не показывает, хотя DYS392=13 – показатель архаичности. Короче, никакой «прародины» в Иране там нет. Это скорее всего потомки древних миграций носителей гаплогруппы R1a с востока через Иранское плато и далее Анатолию на Балканы 10-9 тысяч лет назад, там же (в Анатолии) и обнаружили лингвисты самые древние (из обнаруженных ими) ИЕ языки, как их ни называть, прото-, пра-, или еще как.

Но сказав это, я не могу исключать появление древней ветви R1a в Индии – либо из алтайского региона, о чем я пишу с 2009 года, поскольку там – древнейшие R1a, либо из Европы совсем в древние времена, есть некоторые данные по древней керамике[229].

>«И даже позже, после 4500–4000 лет назад (середина III тыс – начало II тыс до н. э.) они вряд ли «занимали гигантский ареал» – Иными словами, если я Вас верно понял, Вы утверждаете, что за пределами этой прародины ранее индоевропейцев не было (названные Вами «вкрапления» – это более поздняя эпоха).

См. выше. Это – не «более поздняя эпоха», это именно «после 4000 лет назад», эпоха примыкающая. Арии в Средней Азии, митаннийские арии. В арабских странах – до 9 % R1a[230].

>… *прокомментировать факт наличия около 200 реликтовых (т. е. уже устаревших на тот момент) индоевропейских слов в письменном шумерском языке с середины 4 тыс. до н. э. на юге Месопотамии по Уиттакеру (выводы которого, в общем и целом, одобрены многими лингвистами, хотя и создадут, возможно, новую проблему).*

Я не лингвист, потому не могу комментировать в отношении надежности отнесений этих слов как индоевропейских, тем более во времена примерно 5500 лет назад. Но могу высказать соображения. Их два. Одно – это может отражать древнейшие миграции гаплогруппы R1a через Иранское плато и Анатолию 10-9 тысяч лет назад (и позже, конечно, люди ведь оставались, оседали). Второе – датировка слов может быть завышенной, и если там на самом деле не 5500 лет назад, а, скажем, 3000–2500 лет назад, то к этому времени уже шел активный обмен отношений между Индией и Ближним Востоком, чему свидетельством обилие гаплотипов тех же субкладов (R1a-Z94, R1a-L657) в Индии и на Ближнем Востоке (в арабских странах – Оман, Кувейт, ОАЭ, Бахрейн, Саудовская Аравия, и т. д.). Есть, впрочем,

---

228 Там же.

229 Klyosov, A.A., Mironova, E.A. (2013). A DNA Genealogy Solution to the Puzzle of Ancient Look-Alike Ceramics across the World. Adv. Anthropology, Vol. 3, No. 3, pp. 164–172.

230 Abu-Amero, K.K., Hellani, A., Gonzalez, A.M., Larruga, J.M., Cabrera, V.M., Underhill, P.A. (2009) Saudi Arabian Y-chromosome diversity and its relationship with nearby regions. BMC Genet. 10, 59.

и третье соображение – Вы приводите ошибочные данные, и никаких «реликтовых» индоевропейских слов в шумерском языке нет.

(Примечание – позже в дискуссии наличие «реликтовых индоевропейских слов в письменном шумерском языке» лингвистами было отвергнуто, и показано, что это не имеет серьезного основания. Автор цитаты выше, И. Тоноян-Беляев, тут же дал «задний ход», сообщив, что «соглашусь, здесь я несколько опрометчиво употребил термин «многие (лингвисты)», и «материал для сопоставлений сырой». Но это показательно, насколько люди в дискуссии не отвечают за свои слова, пытаясь выдавать недостоверные соображения за якобы доказанные. Всё это дискуссию совершенно обесценивает).

>Т. е., по-Вашему, в это время индоевропейцы еще не разделились и не расселились с севера на юг вплоть до сер. 3 – нач. 2 тыс. до н. э., а по данным фактической лингвистики получается, что они уже побывали и вымерли в Шумере к началу 3 тыс. до н. э.

См. выше.

>Причем, предварительный анализ уже показал серьезную возможность того, что носители этого «евфратского индоевропейского» сыграли не последнюю роль в самом создании шумерской письменности.

Когда я вижу слова «предварительный анализ» и «показал серьезную возможность», в связке с «не последнюю роль», я знаю, что это еще далеко от того, чтобы на этом что-то строить. Но я держу в голове, на всякий случай. Это, видимо, тот самый вариант. Впрочем, см. выше.

>»гаплогрупное родство между ариями и славянами, предложенное Клесовым, не соответствует никаким известным в индоевропеистике «кластерам»… отсутствие данных о таком «кластере» равноценно наличию данных о его отсутствии.» Гаплогруппное родство, очевидно, можно и нужно сопоставлять с языковым родством, просто осторожность здесь уместна не только стороны генетики, которую тут рассматривают, но и со стороны самой лингвистики. Как мы уже выяснили, единых «ариев» может и не оказаться.

Я не знаю, что такое «единые арии», это все, пардон, какой-то волапюк. «И эти люди не позволяют нам…» (С) Какие «единые», когда между их ветвями тысячи лет. Едиными они могут быть только в их происхождении.

И к этому – простая иллюстрация.

Этот гаплотип – базовый 111-маркерный гаплотип современных этнических русских гаплогруппы R1a, возрастом 4900 лет (то есть 4900 лет до общего предка):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15
16 11 12 19 23 16 16 18 19 35 38 14 11 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12
22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 32 15 9 15 12
26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 13 24 13 9 10 19 15 20
11 23 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Следующий гаплотип – базовый 111-маркерный гаплотип индийцев гаплогруппы R1a (возрастом 4750 лет), которых до 72 % в высших кастах Индии, по индийским же данным[231]. Индийские гаплотипы взяты с индийского Проекта FTDNA:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 17 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15
16 11 12 19 23 15 16 18 19 35 38 13 11 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12
22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 32 15 9 15 12

231 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

26 27 19 12 12 13 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15 19
11 22 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Разница в мутациях между предковым индийским (арийским, индоевропейским) гаплотипом и предковым гаплотипом этнических русских составляет всего 8 мутаций, что соответствует разнице всего в несколько сотен лет.

Это так, для сведения. Для справки дам базовый гаплотип гаплогруппы R1b в Европе (примерно 60 % европейского мужского населения):

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

Устанете считать мутации. Он от индийских отличается на десятки тысяч лет. Потому R1b – не арии, и близко нет.

Anatole A. Klyosov:

Дискутанты выдыхаются, и пора подводить итоги. Основной итог в том, что собралась плотная, сплоченная группа людей, и несколько к ним примкнувших, и они дурачат аудиторию. Цель их простая «жажда крови». Причины, наверное, разные. У одних обида, жажда реванша, только не научными методами, а обманом, подтасовками. У других – самозащита, самосохранение относительно теплого служебного места, страх потерять. У третьих – просто ненависть к тому, кто «высовывается».

Дам простой пример. Здесь рефреном идет, что «он славян к одной гаплогруппе приписывает, R1a». Особенно в этом изощряется Клейн. Это – ложь. Вот цитата из моего изложения полтора года назад (и таких множество):

* * *

На мой взгляд, славяне – это объединение нескольких родов, в понятиях ДНК-генеалогии, причем у каждого рода был своя славная древняя история, уходящая вглубь на многие тысячелетия. Окончательное объединение родов R1a и I2a, к которому примкнули более минорные рода и племена (гаплогрупп I1, I2b, G2a, R1b, J2, Ji, E1b, T, Q, N) произошло в первой половине I тыс. нашей эры, и тогда родилось имя «словене». Но основное противостояние здравого смысла (и «голоса крови», если угодно) с академической наукой состоят в том, что академическая наука не рассматривает более древнюю историю как часть истории славян, пусть это будут праславяне, хотя это название теряет что-то важное. Она не хочет рассматривать историю ариев как часть истории славян, придумывая для этого разные причины. Но ДНК-генеалогия впервые показала четкую, наследственную (родственную) связь между славянами и ариями, во всяком случае, по линии R1a. Гаплогруппа I2a в этом отношении не имеет арийскую историю, но свою славную историю определенно имеет, и это тоже история славян. Ее нужно изучать[232].

И так можно проходиться по всем «положениям» и «претензиям» здешней свистопляски. Но я не буду здесь проходиться, я уже прошелся по заблуждениям и искажениям Клейна, который по неграмотности взял за образец ошибочный расчетный аппарат попгенетиков. И «генеалогические» скорости, о которых говорит Балановский, тоже ошибочные, потому что они используются как одинаковые для всех гаплотипов. Это

[232] http://pereformat.ru/2013/10/kolybel-evropejskoj-civilizacii/

приводит к ошибкам в датировках до 40–50 %. Но обсуждать это здесь нет смысла, потому что объяснять это «подписантам» бесполезно, им не образование нужно, им «кровь» нужна, а остальные тысячи читателей молчат. Поэтому я вместо ответов здесь напишу отдельную книгу, содержание которой «подписантам» и их «лейтенантам» мало не покажется. Но там будет не только «мы поименно вспомним тех, кто поднял руку». Но вспомню там всех до единого. Направлю книгу в Президиум РАН и в правительство РФ, в комиссии РАН. Но «раздача всем сестрам по серьгам» – это одна часть книги. Вторая – изложение и обсуждение принципиальных положений ДНК-генеалогии со многими примерами и иллюстрациями, и разбор тех «претензий» что здесь излагались. Ни одно из них не является честным и достоверным. Многие – просто отражают разницу в мировоззрениях, что нечестно переводится в плоскость науки.

Так что для меня это обсуждение было полезным, и, пожалуй, нужным. Всем спасибо.

Часть VI
Очерки на тему «кому мешает ДНК-генеалогия»

Эти очерки были написаны в разное время, но все по одной причине – давать научный отпор безграмотным, но агрессивным «критикам». Все, в адрес которых были написаны эти очерки, и есть те, которым мешает ДНК-генеалогия. Поэтому в данной книге они уместны. Помимо общей полемики, представленные в них материалы имеют, на мой взгляд, образовательную ценность. Они под разными углами рассматривают вопросы, определения, суть ДНК-генеалогии, вскрывают идеологическую подоплеку, русофобство «критиков», обнажают неприглядные «методы», которыми «критики» пытаются достичь свои цели. Как правило, совершенно далекие от науки.

В ряде мест очерки отредактированы, в них сняты повторы как из материала книги выше, так и из других очерков, приведенных далее.

Подгайнщина

Иной спросит, и не без оснований – а за какие заслуги некто по имени Михаил Подгайный, сотрудник отдела природы Херсонского краеведческого музея, заслуживает персональной статьи? Отвечу – он сам никакого интереса не представляет, но в то же время представляет своеобразный феномен, который набирает обороты в последнее время, а именно агрессивное отрицание нового знания, тотальное возражение в отношении новых научных положений, которые не понимает и в которых не разбирается. В ходе отрицания носитель этого феномена входит в раж, и выплескивает с водой и ребенка. Он лезет в новые области науки, находясь полностью в плену старых представлений, как он их понимает, и ему в голову не приходит, что наука движется вперед и переходит к новым представлениям. В итоге читатель, который хотел бы узнать о новом направлении науки, получает гору скомканных обрывков и ошметок, изрядно испачканных подгайным (это уже здесь имя нарицательное), и ровным счетом ничего позитивного, как будто его и не было. Ну, ни-че-го.

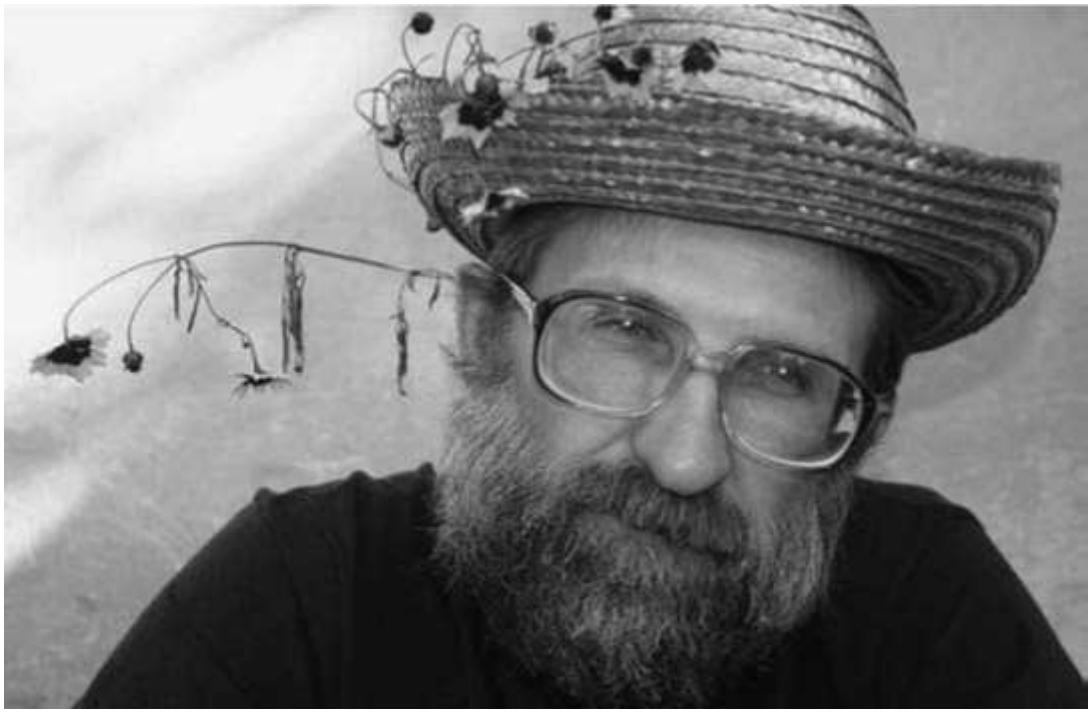


Рис. 65. М. Подгайный

А смысл? Да никакого. Подгайный (здесь имя нарицательное) просто дорвался до критики, и, видимо, получает несказанное удовольствие от этого процесса. Сухой остаток его не интересует. Чтобы не быть голословным, сообщу, что несколько лет по сети бродит «критика» за подписью Подгайного (имя настоящее), который уже в заголовке своего опуса провозглашает о моем невежестве (именно так) в ДНК-генеалогии. Ась? Может, Подгайный сообщил в своем опусе что-то новое в области ДНК-генеалогии? Нет, ничего такого там нет. Более того, ничего вообще нового и из других дисциплин там тоже нет, не упомянуто. А что упомянуто? Да ничего, общее неконструктивное раздражение на протяжении десятка страниц, особенно зашкаливающее при цитировании моих слов – «Устраивайтесь поудобнее, уважаемый читатель. Вас ждут некоторые потрясения». Этого Подгайный вынести не может. Его корежит.

Правда, местами М. Подгайный меня хвалит, и этим я тоже несколько позже поделюсь. За ту же ДНК-генеалогию, в которой я, по его словам, невежественнен. Ну, неровный он, неуравновешенный. Это у подгайных бывает.

Забавно то, что Подгайный выбрал в качестве главной мишени мои популярные статьи. Не академические, заметьте. Ему не нравятся там наглядные, и, конечно, упрощенные примеры. Любой профессионал в науке знает, что к популярным статьям применимы другие критерии, чем к статьям академическим. У них разные задачи. Научная статья – для научного, профессионального сообщества. Там очень важно тщательно и детально обосновать выносимые для рассмотрения коллегами положения. Автор популярной статьи себе такого позволить не может, да и незачем. Его задача – заинтересовать читателя, порой далекого от науки. То, что в статье профессиональной обосновывается на целой странице, а то и на нескольких, автор статьи популярной либо вообще не обосновывает, а просто подает как данность, либо обходится фразой-двумя. Других возможностей у него нет, кроме как сделать популярную статью нечитаемой.

Есть и разные манеры подхода к популярным и академическим статьям. Обычно в популярных статьях описывается то, что давно прошло в академической печати, давно обсуждалось профессионалами в науке, и настало время ознакомить с этим широкую общественность. У меня – другой подход. Я сначала описываю новые находки, концепции, гипотезы в популярных статьях, обкатываю их на неспециалистах, по дискуссии на публике улавливаю, насколько находки и новые гипотезы понятны, насколько они схватываются

«народными массами» и профессионалами в других областях, и только тогда пишу детальную статью в научное издание, со всеми обоснованиями, с разделами «Материалы и методы», «Расчеты погрешностей», и так далее. Если я не сумел доходчиво объяснить обнаруженное явление неспециалистам, значит, сам его не понял. Или оно не значимое.

Но подгайным это безразлично. Они слышали, что арии – это степные народы, которые неизвестно откуда появились и говорили на языках индоиранской группы. Арии для них – это персы, мидийцы и согдийцы, и точка. То, что ДНК-генеалогия выявила более глубокое происхождение ариев, что позволило дать им другое определение, уже не языковое, а ДНК-генеалогическое, они принять не могут. Это для них – «чудовищное невежество». Узнаете феномен подгайных?

Да, повторяю, что в популярных статьях я намеренно пишу местами броско, доходчиво (как мне кажется, или как хотелось бы), порой срезаю углы, потому что иначе засушу материал. Главное-то ведь суть! А суть совершенно новая, поднимающая новые пласты нашей истории. К тому же помогает контекст, и в первую очередь значимость вопроса. Вот – характерный пример о том, как наши предки, род R1a, отправившись с Русской равнины 4500 лет назад, достигли Аравийского полуострова, Оманского залива, Индийского океана. В каких учебниках истории вы об этом прочитаете? Ни в каких. И ни в каких академических статьях, кроме, разве что, моих. А ДНК-генеалогия на это напрямую указывает. Итак, цитирую свою научно-популярную статью:

Наконец, еще одна волна представителей рода R1a отправилась на юг и достигла Аравийского полуострова, Оманского залива, где сейчас находятся Катар, Кувейт, Объединенные Арабские Эмираты, и тамошние арабы, получив результаты тестирования ДНК, с изумлением смотрят на сертификат тестирования с гаплотипом и гаплогруппой R1a. Арийской, праславянской, «индоевропейской» – назовите, как хотите, но суть та же. И эти сертификаты определяют границы ареала походов древних ариев. Приведенные ниже расчеты, показывают, что времена этих походов в Аравию – 4 тысячи лет назад. Гаплотипы – типичные арийские, с Русской равнины, те же, что и у индийских и иранских потомков ариев. Праславянские гаплотипы группы R1a.

В настоящее время гаплогруппа R1a среди арабов достигает 9 % от мужского населения, в том числе в таких знаменитых кланах, как клан Курейш, из которого вышел пророк Магомет (он же Мухаммад), основатель ислама, и его клан упоминается в Коране. Я получаю немало писем от родовитых арабов, которых своя гаплогруппа R1a поначалу шокировала, ее даже скрывали от окружающих, но постепенно она стала престижной. Напрашивается аналогия с высшими кастами в Индии, где гаплогруппа R1a достигает 72 %.

Упоминание праславян в этом описании бесит Подгайного. Понятие контекста ему неведомо. Он пишет: *«гаплогруппа R1a никак не может именоваться ни «славянской», ни «арийской», ни даже «индоевропейской». А используемая им (то есть мной, ААК) оригинальная авторская терминология не только никак не соотносится с накопленными наукой знаниями в области лингвистики, истории, археологии, этнологии, но ив корне противоречит традициям генеалогической номинации».* Замечаете проблему? Я пишу – «арийской, праславянской, «индоевропейской» – назовите, как хотите, но суть та же». Мне суть нужна, явление, новые исторические находки, их связь с историей нашего народа и их потомками. А он – что «терминология не соотносится с накопленными знаниями», «противоречит традициям генеалогической номинации». Да не «накопленные знания» я рассматриваю, они остаются, я новые знания представляю, которые не укладываются в прокрустово ложе «накопленных знаний». То же самое и с «традициями номинаций». У этого человека – строение мозга лаборанта, который работает исключительно по прописи, утвержденной начальниками. Он не понимает, что суть науки – не только и не столько следовать системе накопленных знаний и «традициям номинации», но обоснованно ломать

их, преобразовывать. Претензии к найденному новому знанию есть? К их обоснованию?

Подгайный: *Сплошь и рядом Клёсов именует «славянами» и «арийцами» предков людей, говорящих сейчас на балтских, романских, армянском, арабском, киргизском языках и имеющих соответствующее отнюдь не славянское и, тем более, не арийское, этническое самосознание.*

У Подгайного просто каша в голове. Или он откровенно и осознанно передергивает. Во-первых, я не именую «славянами» предков арабов, киргизов, армян и прочих американских индейцев, как не именую славянами современных арабов, киргизов и прочих. Я при соответствующем контексте именую их предков «праславянами», и только в том случае, если они вышли с Русской равнины, и их гаплотипы те же самые (с учетом набежавших мутаций), как и современных славян гаплогруппы R1a. А во-вторых, отчего же предки современных славян не праславяне? Они – праславяне просто по определению. Их потомки в разных краях мира – потомки праславян, опять же по определению. А уж самосознание их потомков, наших современников, какое имеет к этому отношение? «Самосознание» – вообще пунктик у Подгайного, мы к этому еще вернемся. Только самосознание к ДНК-генеалогии отношения не имеет, как не имеет оно отношения к химии. Оно никаким боком не входит в методологию новой науки.

Взглянем еще раз на цитату чуть выше: *...тамошние арабы, получив результаты тестирования ДНК, с изумлением смотрят на сертификат тестирования с гаплотипом и гаплогруппой R1a. Арийской, праславянской, «индоевропейской» – назовите, как хотите, но суть та же… Гаплотипы. – типичные арийские, с Русской равнины, те же, что и у индийских и иранских потомков ариев. Праславянские гаплотипы группы R1a.*

Заметьте, что современных арабов я, естественно, не называю «славянами». Но гаплогруппу R1a называю в данном контексте «арийской», «праславянской», «индоевропейской» (правда, при последнем термине я пожимаю плечами, он здесь ни к селу, ни к городу – это просто чтобы отмахнуться от многочисленных любителей этого слова). Арийской – потому что она показывает границы ареала походов древних ариев. Праславянской – потому что показывает генетическую связь с выходцами с Русской равнины, братьями наших предков-праславян. Но раздражение Подгайного (и подгайных, имя собирательное) мне уже понятно – там праславяне упомянуты. Причины этого раздражения я упомяну позже. И вернусь к этим причинам более обстоятельно.

Почему род R1a именно «славянский»? Почему бы его не назвать литовским, латвийским, албанским, румынским, киргизским? – вопрошает Подгайный. Опять передергивание. Опять раздражение славянами, ну не выносит норманнист Подгайный славян. А норманнист он фанатичный, у него «антинорманнисты» вызывают истерику. Об этом тоже ниже. Род R1a я могу назвать славянским только говоря о славянах, в таком контексте. А вообще я чаще называю род, гаплогруппу R1a арийской, и на это есть многие причины. Одна из второстепенных причин – потому что я ее так назвал. Имею полное право. Вопросы есть? Хотя бы по созвучию – R1a и арии. Откуда эта страсть у подгайных контролировать, что как кто называет? Не хотите так называть – уходите и не называйте. Более основательная причина – потому что легендарные, исторические арии, прибывшие в Северную Индию, были носителями гаплогруппы R1a. Поэтому гаплогруппа R1a и названа по их имени. Это арийская гаплогруппа. Как и народ, создавший систему Советов, получил название «советский народ». Вопросы есть? Или Подгайный тоже воевать с этим названием будет?

Еще одна историческая причина, почему гаплогруппа R1a наших современников в

Европе в значительной степени «праславянская». Да, она была принесена на Балканы примерно 8–9 тысяч лет назад, когда славян как таковых там еще не было. Но примерно 4800–4600 лет назад большинство носителей гаплогруппы

R1a бежали из Европы (в историческом понимании этого термина) на Русскую равнину, о причинах этого я уже не раз рассказывал, не буду повторяться. Выжили немногие, или, как говорят генетики, «прошли бутылочное горлышко популяции». Эффект «последнего из могикан». Поэтому гаплогруппа R1a возродилась на Русской равнине, и туда, на Равнину, к общему предку, который жил 4600–4800 лет назад, сходятся практически все ДНК-генеалогические нити, от практически всех гаплотипов группы R1a от Британских островов до Урала, а также большинства известных гаплотипов Зауралья, включая ископаемые, с датировкой 3800–3400 лет назад.

Уже значительно позже, в I-м тысячелетии до н. э., началось перезаселение Европы носителями гаплогруппы R1a с Русской равнины, и ДНК-генеалогия четко прослеживает эти «клинья», шлейфы арийской (по происхождению) гаплогруппы R1a, входящие в Европу вплоть до Атлантики и далее на Острова, с датировками от середины II-го тыс. до н. э. до середины I-го тыс. н. э. Почти все они – с Русской равнины. Времена – праславянские, но можно называть и славянскими, если дать соответствующие определения, не зажатые трактовкой современных лингвистов. Именно поэтому предки подавляющего большинства носителей гаплогруппы R1a в Европе – праславяне. Или славяне.

В этом мой ответ на вопрос Подгайного – *Почему род R1a именно «славянский»? Почему бы его не назвать литовским, латвийским, албанским, румынским, киргизским?* Да потому, например, что общий предок современных киргизов гаплогруппы R1a жил «всего» 2100 лет назад, в конце прошлой эры. Остальные не прошли бутылочное горлышко популяции. Как я мог назвать гаплогруппу R1a «киргизской», при всем искреннем уважении к киргизам с их глубоким и традиционным знанием своих предков? Поговорите с любым таксистом-киргизом (или с любым киргизом), он тут же перечислит своих прямых предков на 7–8 поколений вглубь. Но на название гаплогруппы R1a они претендовать не могут, потому что мы знаем не только датировки, но и миграционные маршруты ариев, которые привели к появлению этой гаплогруппы у киргизов.

Почему не литовским или латвийским, албанским или румынским? Да потому же, почему не русским. Гаплогруппа R1a в Европе значительно древнее, чем национальности или государственные образования. Видимо, Подгайный это знает плохо, потому и поставил в один ряд понятия разных категорий, как «славянский» или «румынский». Но я не буду писать, что он «ужасающе невежественен», хотя в отношении ДНК-генеалогии это именно так. Причина опять просто в раздражении его словом «славянский». Ну не выносят подгайные этого слова, им «шведский» милее (см. ниже). Для Подгайного любое упоминание о славянах ранее середины I-го тыс. н. э. – это *«наука с националистическим душком».*

Возвращаемся к передвижениям в древности носителей гаплогруппы R1a, перезаселение ими Европы, военные экспедиции с Русской равнины в Месопотамию и далее до Индийского океана. Это – новое знание, которое раньше в таком виде было неведомо. Ясно, что наука многое знала о вторжении в I-м тыс. до н. э. (и, возможно, несколько ранее) в Европу скифов, сарматов, пракельтов (по некоторым данным), но не имела понятия об их родовой классификации, о родственных связях между ними, о **системных генеалогических** связях. Это – принципиально новое знание.

И тут мы выходим на характерную особенность феномена Подгайного. Он никакое новое знание обычно не обсуждает. Заметьте, в его претензиях – ни слова о самом открытии, о том, что носители гаплогруппы R1a с Русской равнины дошли до юга Аравийского полуострова и, возможно, омыли сапоги в Индийском океане, что не только сам род, R1a, но и гаплотипы их там совпадают с гаплотипами наших предков, этнических русских, то есть это их прямые потомки. Что они оказались наиболее «продвинутым» сословием не только в Индии, но и среди самых «арабистых» арабов – в Саудовской Аравии и прилегающих

арабских странах, а значит, внесли огромный вклад в культурное развитие этих стран. Это – прямые потомки праславян. И вот это, как выясняется, Подгайного совершенно не интересует. Об этом он – ни слова. У него цели и задачи другие.

Ну, с одной целью и способом ее исполнения мы уже разобрались. Это – некий раж, страстное желание испепелить, не оставить камня на камне. Но почему, зачем, неужели подгайных не интересует суть, сами открытия, новое знание?

И здесь начинается, видимо, самое главное, почему Подгайного раздражают, бесят праславяне и их история, откуда желание не оставить камня на камне, откуда частые выражения типа «чудовищное невежество», «элементарное отсутствие какой бы то ни было логики» и подобные. Он – убежденный норманист. Ларчик просто открывался.

В недавней дискуссии я в очередной раз обсуждал это явление, которое здесь по сути назвал «подгайнщина». Я повторю выдержку, которая, на мой взгляд, очень важна для понимания процессов, идущих сейчас в России:

Войдите в русскоязычную сеть и найдите любое обсуждение на темы истории нашей страны, в том числе и древней истории. Там – огромное количество глумливых комментариев тех, кто ненавидит нашу историю, страну, народ, друг друга и всех окружающих. Там сразу заметны крикливые «норманисты» со своими безапелляционными, агрессивными мнениями. Причем это не историки, отнюдь не специалисты (примечание – сам М. Подгайный, по его словам – биолог). Это те, кого греет чужеземная версия своей истории, кто из любой альтернативы выбирает обязательно негативную по отношению к патриотизму, кто приводит ироническую фразу «Россия – родина слона» при любом аргументе о приоритете наших предков и соотечественников, кто в максиме «Патриотизм – последнее прибежище негодяя» акцент ставит на слове «патриотизм», а не «негодяя».

Почему это так? Вопрос, скорее, к психологам и психиатрам, не ко мне. Я это называю уклончиво – «такая структура мозга». Это, видимо, неконтролируемо, и, думаю, что у правителей и у плебеев природа этого одна – «нутряная» ненависть к своим, к русским. В этом, думаю, главная причина «норманизма», а также сентенций типа «славяне появились недавно» без четкого определения кто такие «славяне» в обсуждаемом случае.

Даже фраза «славянского патриотизма не существует», которую вслед на неким активистом норманизма бросил в дискуссии со мной норманист-историк Лев Самуилович Клейн (замечаете вопиющий дисбаланс в теме и авторе реплики? – я, например, ни за что бы не полез в тему о еврейском или, скажем, японском патриотизме, просто обычный такт помешал бы) – отражает это устройство мозга. Ясно, что «славянский патриотизм», как любой другой, никак объективно не измерить, это сугубо эмоциональная категория, но как лакмусовой бумажкой выявляет того, у кого эмоции здесь положительные или отрицательные. Вот и у того активиста (опять музейного) по фамилии Волков, и у Клейна – отрицательные. Потому что оба – норманисты, корреляция сразу видна. Это фундаментальное положение.

Думаю, что выживание России с ядром в виде этнических русских зависит в огромной степени от того, куда повернется вектор «норманизма», условно говоря, среди российского населения. И это далеко не только мое мнение. *«От этого исхода ведь зависит и будущее России»* – это прямая цитата, без изменений, от крупного российского историка, из нашей с ним переписки в ответ на недавний выход моей книги о ДНК-генеалогии и происхождении славян.

Переходим к норманофилу Подгайному. Свою другую статью «Источниковедческая фальсификация истории Украины» он начинает с того, что он не историк. Уже занятно, да? Ну да ладно, оставим биологу разбираться с источниковедением истории Украины, нас в данном случае интересуют его норманофиль-ские взгляды и в чем они выражаются. И здесь опять начинается подгайнщина. Давайте сравним его и мой подходы. Я тоже не историк, но подхожу к данному вопросу со своим научным вкладом – гаплотипами, гаплогруппами, их анализом и рассмотрением. Я не повторяю, как попугай, что говорят другие (в отношении норманизма в данном случае), я **изучаю** этот вопрос в рамках создаваемого нового научного

направления, и сопоставляю с данными исторических наук, мне доступными. И я вижу, какие интерпретации историков мое направление поддерживает, и какие интерпретации историков при приложении к ним

ДНК-генеалогии определенно оказываются шаткими, зыбкими, а то и полностью надуманными, фантазийными, если не сказать фальсифицированными. Норманнские «теории», например. И я не вижу никаких «шведских» гаплотипов среди этнических русских. Вижу R1a гаплотипы древнерусские, праславянские, арийские – опять называйте, как хотите, но они гаплотипы наших предков на Русской равнине от пяти тысяч лет назад и до нашего времени. Шведских нет, поскольку в Скандинавии вообще и в Швеции в частности гаплотипы группы R1a очень характерные и легко выявляются, они так и называются – гаплотипы R1a скандинавской ветви, субклад R1a-Z284.

Вижу среди этнических русских южно-балтийские гаплотипы гаплогруппы N1c1, и те же самые в Швеции, но их в Швеции очень немного, и более молодые (то есть от более недавних общих предков, нежели в России). То есть это гаплотипы, явно прибывшие в Швецию со стороны южно-балтийских славян и их предков. Я здесь опять использую термин «славяне», потому что и литовцы, и поляки гаплогруппы N1c1 – обычно славяне, как и носители гаплогруппы R1a. Можно, конечно, начинать копаться, и находить носителей гаплогруппы N1c1 среди финнов, вепсов, коми, и восклицать «какие же это славяне», но это, как правило, другие субклады, то есть как бы племена, с другими индексами субкладов, «финно-угорскими». Или это потомки славян, что неудивительно, поскольку живут сотни, если не тысячи лет бок о бок.

Повторяю, что путем изучения нового, применяя **новую научную методологию** я и мои коллеги приносим новое знание, которое можно анализировать, сопоставлять с уже накопленным, вносить изменения в знание существующее, или, напротив, опровергать мои – возможно – ошибочные построения, но опровергать обоснованно, а не потому что оно с другими интерпретациями якобы не согласуется.

А что нового вносит Подгайный и его крикливые единомышленники? Да ничего. Все его норманофильские «построения» – просто пережевывание давно известных интерпретаций. Что там у него? Да, давно набившие оскомину «гребцы», финское «ruotsi» как «свевы, Швеция» и их прочие варианты как якобы основа слова «Русь», как и эстонское roots. После чего херсонский биолог долго и глубокомысленно рассуждает о том, что северогерманскому долгому гласному – оо– соответствует западнофинский дифтонг – uo-, а германскому спиранту – th– западнофинская аффриката – ts-. Почему-то неквалифицированным норманофилам очень нравится списывать у историков и лингвистов мудреные слова, и, обезьяничая, выдавать их за свои мысли.

Что там еще у него? А, обычные жульнические приемы норманофилов. Неужели у них рука не устает переписывать одни и те же подтасовки друг у друга? Полюбуйтесь, стандартная, штатная подгайнская подтасовка: *«Даже столетие спустя послы князя Игоря сообщали о себе:* ***«Мы отъ рода рускаго… Иворъ… Вуефастъ… Искусеви… Слуды… Улебъ… Каницаръ… Шихъбернъ…»*** *(русско-византийский договор 944 года, «Повесть временных лет») и далее длинный список древнешведских имён в тексте договора».*

Что там на самом деле, почему многоточия? Так ведь другие имена убраны! Вот там как (выделены имена, умышленно выхваченные Подгайным из текста):

«Мы от рода рускаго съли и гостье (послы и купцы – ААК), **Иворъ** , солъ Игоревъ, великаго князя рускаго, и обычии сли: **Вуефастъ** Святославль, сына Игорева; **Искусеви** Ольги княгини; **Слуды** Игоревъ, нети Игоревъ; **Улебъ** Володиславль; **Каницаръ** Передъславинъ; **Шихъбернъ** Сфанъдръ, жены Улебле; Прасьтенъ Туръдуви; Либиаръ Фастовъ; Гримъ Сфирьковъ; Прастенъ Акунъ, нети Игоревъ; Кары Тудковъ; Каршевъ Туръдовъ; Егри Евлисковъ; Воистъ Воиковъ; Истръ Аминодовъ; Прастенъ Берновъ; Явтягъ Гунаревъ; Шибридъ Алданъ; Колъ Клековъ; Стегги Етоновъ; Сфирка; Алвадъ Гудовъ; Фудри Туадовъ; Мутуръ Утинъ; купець: Адунь, Адулбъ, Иггивладъ, Олебъ, Фрутанъ, Гомолъ, Куци,

Емигъ, Туръбидъ, Фуръстенъ, Бруны, Роалдъ, Гунастръ, Фрастенъ, Игелъдъ, Туръбернъ, Моны, Руалдъ, Свень, Стиръ, Алданъ, Тилен, Апубьксарь, Вузлевъ, Синко, Боричь, послании от Игоря, великого князя рускаго, и от всякоя княжья и от всехъ людий Руския земля».

Ну и где там «далее длинный список древнешведских имен»? Там целый калейдоскоп этимологии имен – и славянские, и тюркские, и балтийские. Но норманофилы эти цитаты препарируют и обрубленные выдают за действительные. Казалось бы, зачем это им нужно? А так, идеология такая. Устройство мозга.

И что на самом деле эти имена означают? Например, сейчас бы это звучало так: *Мы, купцы русские, Усманов, Алекперов, Фридман, Вексельберг, Михельсон, Хачатуров, Дерипаска, Хан, Махмудов, Гуцериев, Керимов, Авен, Скоч, Илиев, Нисанов, Березовский, Абрамович, Ходорковский, Миллер, Прохоров…* И что, это было бы свидетельством, что они основатели земли Русской?

Далее Подгайный описывает норманистские концепции складно, опять старательно и в больших количествах переписывая у норманофилов, только все это имеет другие интерпретации, давно известные, не буду повторяться. Не о том моя статья. А о том, что феномен Подгайного вполне ясен, у его носителей всё праславянское и славянское вызывает изжогу. Но они не исследователи, они переписчики и попугайщики. Ничего нового они не вносят, но люто ненавидят, когда новое вносят другие, особенно в отношении праславян и славян. Это новое они опровергнуть не могут, знаний не хватает, поэтому они кидаются на «шашечки», на то, что новая наука вносит свою терминологию, свою систему понятий, которую они тоже освоить не могут. Скорее, не хотят. Да им и не нужно. И потому статья Подгайного является скорее портретом его самого. Его статья не обо мне, а скорее о нём самом. Так сказать, автопортрет.

Есть люди, которые науку продвигают, а есть те, которые неустанно с последними борются. Их жизнь – борьба. Я из любопытства взглянул в сети на «портрет героя» – действительно, борьба. Буквально со всеми. Начиная от директора его же краеведческого музея. Ну, это его личное дело, не буду вмешиваться, кто там прав и кто нет. Почитав его статью про *«хорошо организованную фальсификацию истории Древнерусского государства в академической литературе»,* я понял, что меня М. Подгайный просто любит. Он на самом деле хорошо ко мне относится, равно как и к моим работам по ДНК-генеалогии. Славян не любит с их историей, любит норманизм, вот и все. Просто у него такое устройство мозга, что он не может любовь выражать, кроме как через негатив. Типа как мальчик девочку за косичку дергает. Тем самым выражает симпатию, которую по-другому выразить не может. У Подгайного – разновидность инфантильности в агрессивной крайности.

Посмотрим, как он относится к тем, кого на самом деле не любит. Куда уж мне с такими тягаться. Его слова по отношению ко мне просто елей. *«Уважаемый профессор», «всеми признанный эксперт», «в своих великолепных работах», «идеальное совпадение времени распада индоиранского праязыка (по данным глоттохронологии) с возрастом индийской ветви гаплогруппы R1a», «терминологически исключительно корректен и традиционен»* (это по отношению к ДНК-генеалогии евреев – АК), *«блестящее исследование самого Анатолия Клёсова»* и так далее.

А посмотрите, как он обращается с другими – *«фальсификация истории», «врать», «сдуру», «лживая монография по истории Древней Руси», «неоантинорманизм академика Рыбакова – такая же очевидная лженаука, как и «мичуринская биология» академика Лысенко», «Рыбаков отличался от Лысенко пожалуй только тем, что не организовывал гонения на своих оппонентов в общегосударственных масштабах», «дремучее невежество академика», «безграмотный академик», «похоже… советский чиновник, сделавший карьеру по «заданию партии», совершенно не вникая в суть «курируемого» предмета», «изощренная фальсификация или дремучее невежество академика», «дилетантская… этимологическая версия историка… Г. Вернадского», «образец «гремучей смеси» из грандиозной тенденционности и дремучего невежества», «плутоватый вице-президент национальной*

Академии наук Украины», «дилетантские построения «пирожников», взявшихся «сапоги тачать», как тот же Вернадский», «советский «академик Лысенко» от истории – БА. Рыбаков», «снять лапшу с ушей», «в эпоху «борьбы с космополитизмом» этот конъюнктурщик» (это опять про Б.А. Рыбакова), *«советские фальсификаторы истории – Б.Д. Греков, А.Н. Насонов и БА. Рыбаков»…*



Рис. 66. М. Подгайный

Уфф, довольно. Раздухарился, так сказать, сотрудник краеведческого музея. Просто с цепи сорвался. За что так, кстати, академика Б.А. Рыбакова-то? А за то, что тот был антинорманистом. М. Подгайный – убежденный норманист, до фанатичности. Убежден, что все русские от шведов произошли. И невдомек Подгайному, что борется он до посинения с интерпретациями других исследователей. Он до того самого посинения убежден, что именно его интерпретации – самые правильные. Узнаете подгайных?

И здесь плавно переходим к высказываниям Подгайного в отношении моих исследований и моих интерпретаций. Имеет ли он что-то против по сути работ? Оказывается, по фактам ничего не имеет против. Более того, поддерживает или не возражает. Правда, в соседней статье он поделился – «я *не историк, и детали меня мало интересуют* ». Так что ценности в его поддержке, получается, нет никакой. Ну да ладно, и на том спасибо. Так что он поддерживает или не возражает?

1. То, что «самим же Анатолием найдены древние ветви гаплогруппы R1a возрастом 12 тысяч лет»;

2. «Гаплогруппа R1a появилась на нынешней славянской языковой территории еще 5 тысяч лет назад, как установил Клёсов на основании анализа ее центральноевропейских гаплотипов»;

3. «Древние арии могли принадлежать только к гаплогруппе R1a и ни к какой другой;

4. «Носители гаплогруппы R1b, как установил Клёсов, распространились в западной и центральной части Европы уже после волны R1a;

5. «Около 6 тысяч лет назад, в эпоху распада индоевропейской языковой общности, носители праязыка уже принадлежали к гаплогруппе R1a, и часть из их биологических потомков, сохраняя свой язык, расселилась по всей Европе…, Западной Азии…, Центральной Азии, Ирану и Индии;

6. «Если расселение праиндоевропейцев по Клёсову связано с гаплогруппой R1a, то… для протокельтов она является более предпочтительной, чем R1b».

Последнее, кстати, тоже верно, об этом у меня есть большая статья[233].

Против этих положений, которые я выдвигал и обосновывал, М. Подгайный не возражает, и даже вроде как поддерживает, хотя, повторяю, ценности в такой непрофессиональной поддержке нет никакой. Так в чем дело? В чем, так сказать, сухой остаток большого крика Подгайного? Да ни в чем. Но его одолевает страсть бороться. Вот он и нашел объект борьбы – стиль популярного изложения материала, интерпретации, терминология ДНК-генеалогии (заметьте – не лингвистики, а ДНК-генеалогии, в другой системе понятий и с вкладыванием другого, нежели в лингвистике, смысла). То есть материальную сторону вопроса он «затвердил», а нематериальную, которую не уловил, не схватил, будучи не в теме, решил потерзать. Причем, как и принято у людей не слишком разумных, с резким переходом на личности. Точнее, личность. Естественно, мою. То есть, как это я смею что-то там менять или что-то там обсуждать? Но как человек неуравновешенный, М. Подгайный меня то поносит, то хвалит.

Например, пишет наш «критик», *«обойтись без термина «иранский» в современной «научной литературе» никак нельзя»,* и *«для одной из этих ветвей, включающий скифский язык, лучшего наименования, чем «иранская» придумать мудрено».* И стоило стулья ломать? Да пусть «иранский» в лингвистике остается, мне не жалко. Хотя я прекрасно понимаю, что эту ветвь могли назвать, например, с тем же успехом «таджикской», и тогда М. Подгайный эмоционально, на зависть психиатрам мира, доказывал бы, что лучшего наименования, чем таджикский, для скифского языка придумать мудрено. Или могли назвать «арийской», чем плохое название? Главное, свежее, оригинальное. А вот в ДНК-генеалогии назвать людей, живущих в Европе, «иранцами» – нет никаких оснований. Равно как и скифов, которые на Иранском плато отродясь не были, кроме, наверное, послов да дезертиров, или там разведчиков.

Должен сказать, что кое-что, о чем пишет М. Подгайный, вполне справедливо. В частности, когда он повторяет догмы современной лингвистики. То есть справедливо в том отношении, что повторяет он их правильно. В отношении же ДНК-генеалогии Подгайный не в теме. Не в парадигме. И вообще не понимает, что название – дело житейское. Главное, чтобы к нему привыкли, потом с мясом отдирать приходится. Почему бы ему с жаром не броситься доказывать, что называть американских аборигенов «индейцами» в корне неверно? А ничего, привыкли, живем. В том числе и сами индейцы. Хотя да, название в корне неверное. Но, тем не менее, передо мной письмо, благодарственное, полученное из индейского племени, штат Северная Дакота. Я тамошним школьникам, признаться, немного помог материально, вот они и благодарят. Адрес на конверте и на письме – St.Joseph's Indian School. Ничего, не путаются, чалму вряд ли примеряют. Не может понять Подгайный, что о названиях не спорят. Их либо принимают, либо не используют. А будущее покажет, какой термин прижился.

На самом деле хотелось бы дать небольшой урок неистовому товарищу Подгайному. Объяснить ему, что для лучшего понимания материала надо просто постараться его усвоить. Попытаться понять причины, по которым та или иная терминология была выбрана или введена. Что, говоря «славяне», я вовсе не говорил о языке, языковой группе, а говорил о генеалогии. А это сразу меняет смысл понятия «славяне». Это ведь нетрудно, просто

233 http://pereformat.ru/2014/03/celts/

попытаться понять, что хотел сказать автор, что он имел в виду. Тем более что против фактической части возражений нет. Но нет, давит М. Подгайного жаба, хочется бороться, кричать, рвать очередную рубаху на груди. А понять не хочется. Такое вот устройство мозга.

Еще замечание. Подгайный строго идет след в след с понятиями и концепциями современной исторической науки – в том отношении, как он их понимает. А посколько он новое знание органически не воспринимает со своим лаборантским устройством мозга, то следует правилу «доктор сказал в морг – значит, в морг». Например, он пишет: *Ведь Балканский полуостров исторические славяне – носители раннеславянских диалектов и славянского этнического самосознания – завоевали, перейдя Дунай, лишь в VII веке н. э., то есть всего лишь 1300 лет назад. Это событие обстоятельно освещают авторы раннесредневековых хроник, военных трактатов, дипломатических документов; славянизация Балканского полуострова вообще хорошо документирована свидетельствами исторических и археологических источников.*

Это все замечательно, советский народ тоже образовался в 1918 году (первая советская Конституция), что хорошо задокументировано, но историю русского народа мы не оттуда отсчитываем. Мы же про ДНК-генеалогию, а не про «раннеславянские диалекты» и про «этническое самомознание». Сколько можно повторять, что ДНК-генеалогия диалектами и этносами не занимается, как и «самосознанием». Но подгайным это повторять бесполезно, они не обучаемы. Расскажу другим.

На самом деле самый распространенный род современных славян на Балканах – это род I2a, почти все они – подгруппа (субклад, как говорят в ДНК-генеалогии) I2a1b, так называемая «динарская ветвь». Она распространена по всей Восточной Европе, от Греции до Прибалтики, включая и Украину, и Белоруссию, и Россию, но на Балканах ее больше всего, до 40 % и выше. Потому ее и называют «динарской», от имени Динарских Альп – горной цепи, которая проходит по Балканам – Словении, Хорватии, Боснии и Герцоговине, Сербии, Албании и Черногории. История такова, что род I2a был практически уничтожен около пяти тысяч лет назад. По-видимому, в их уничтожении приняли активное участие эрбины, носители гаплогруппы R1b, которые вошли на Пиренеи с юга примерно 4800 лет назад, и как культура колоколовидных кубков начали активно продвигаться на север, заселяя европейский континент. Выжили из носителей гаплогруппы I2a немногие, и они бежали в противоположные стороны – на Британские острова и в Восточную Европу, видимо, в Восточные Карпаты. Общий предок последних, потомки которого живут в наше время, жил всего 2300 лет назад. Остальные – не выжили. С Карпат носители этой гаплогруппы заселили всю Восточную Европу, но максимально, как указано выше – на Балканах.

ДНК-генеалогия не показывает, когда именно «динарцы» заселили Балканский полуостров, но она показывает, что современная их популяция развивалась с конца I тыс до н. э, со времен 2300 лет назад. Возможно, авторы раннесредневековых хроник и правы, описывая события в 6-м веке, за сотни лет до них. Но в любом случае история славян там намного более древняя, и историкам предстоит большая работа, чтобы поставить в соответствие данные ДНК-генеалогии, лингвистики, антропологии, археологии, этнографии.

Кстати, понятие «самосознание», которое Подгайный вставляет направо и налево, к гаплогруппам не имеет никакого отношения. Как и партийная принадежность носителей гаплогрупп и гаплотипов. А ведь у него – *«…имеющих отнюдь не славянское и, тем более, не арийское, этническое самосознание»;* это – про древних носителей гаплогруппы R1a. Оставим на совести Подгайного якобы знание того, какое именно самосознание имели наши древние праславянские и арийские предки, но отметим, что он лезет в ДНК-генеалогию, не понимая того, что понятие «самосознание» и «этничность» не входят в словарь ДНК-генеалогии, как и национальность и партийная принадлежность. Подгайный просто дверью ошибся. Но это далеко не всё – *«людей, которые так себя именовали и осознавали»* – про ветвь гаплогруппы R1a, которые, по интерпретации (опять – интерпретации!) Подгайного себя определенным образом называли и – опять – осознавали. Невдомек ему, что ветвь гаплогруппы – эти никакое не этническое «осознание» и «самосознание». Ветвь гаплогруппы

– это одна генеалогическая линия, среди которой могут быть и жители Киевской Руси, и турецкие янычары, и скандинавские викинги, и индийские брахманы, и конники Субудай-багатура. И все в предках могут иметь праславян, вышедших 4800 лет назад с Русской равнины. Какое там, у потомков, одинаковое «этническое осознание»…

Поэтому в ДНК-генеалогии нет этничности, нет общего самосознания, нет гражданства, а есть общие предки, которых можно называть по-разному, исходя из контекста. Например, Юрий Гагарин и майор, и советский человек, и первый космонавт, и член КПСС, и Герой Советского Союза, и еще многое другое, и называют его определенным образом, выбирая из множества вариантов, исходя из контекста. Так и с нашими предками – они и арии, и праславяне, и жители Русской равнины, и R1a, да еще и с подгруппами, они же могут быть – при более детальном рассмотрении и при введении соответствующих определений – и сакалиба, и русы, и скифы, и сарматы, и кельты (или протокельты), и кимвры, и асы, и аланы, и юэчжи, и многое другое. А если понятие славян расширить (углубить) хронологически и включить в него и предков нынешних славян, то наших предков по определению можно назвать и славянами. Человек разумный, не склонный к истерике, в отличие от моего «критика», вежливо попросит уточнить, какое определение славян я предлагаю или использую. Я столь же вежливо отвечу, что это – древние предки современных славян, проживавшие на Русской равнине. И никто не имеет права мне возразить, потому что это мое определение в данном контексте, тем более, что оно разделялось многими выдающимися учеными, не зашоренными, в отличие от моего «критика», узкими рамками науки, в пределах которых он начетничает.

Интересно, как бы он отнесся к тому, что в теоретической физике есть такое понятие квантового числа, как «цвет», применяемое для идентификации кварковых структур элементарных частиц и атомных ядер. Цвет кварков может принимать три значения красный, зеленый и синий, цвет глюонов – восемь. Представляю фонтан ругательств, оскорблений и истерики, которые наш «критик» вылил бы на авторов. А они получили высшую научную премию СССР за работы по теоретической физике. И еще используют другие квантовые числа – красота, шарм…

В общем, не дает покоя М. Подгайному этническое самосознание. У него это как лыко в строке – и *«менялось этническое самосознание населения»* (европейского, в данном случае), и *«славянский язык и самосознание»,* и *«этническое самосознание славян»,* и что *«у каждого этноса есть самоназвание и этническое самосознание».* Все это замечательно, только ДНК-генеалогия здесь ни при чем. Подгайный просто не в теме.

Ну и под занавес – наш герой решил податься в хозяйственники, стать мэром Херсона. Никакого отношения к теме настоящей статьи это не имеет.



Рис. 67. М. Подгайный

Что говорит Google Scholar о пчёловых и их вкладе в науку

У стороннего человека часто возникает иллюзия, что вот в науке – там порядок, все выверено. Ничего подобного. Это зависит от того, какая наука, есть ли там крепкая научная школа, есть ли объективность в рассмотрении новых данных и выводов при отборе статей для публикации. Очень часто ничего этого нет. Напротив, есть жесткое противостояние новым подходам, методам, результатам, причем порой противостояние тупое, злобное, на первый взгляд, немотивированное.

Вот – свежий пример. Те, кто читают мои статьи и книги, знают, что я категорично возражаю против приравнивания этносов и гаплогрупп. Приравнивать – это вообще абсурд. Например, у этнических русских четыре основные гаплогруппы, и как минимум полтора десятка минорных гаплогрупп и субкладов. Как можно заявлять, что русские – это гаплогруппа R1a, хотя её носителей среди русских половина от мужского населения? А куда девать русских гаплогруппы I1, I2, N1c1, R1b, E1b, T, G2a и так далее? У поляков – тоже половина R1a, а этнос – другой. Как можно заявлять, что гаплогруппа R1a – это этнос? Что R1a – это русские? В гаплогруппе R1a – и ирландцы, и шотландцы, и бельгийцы, и шведы, и немцы, и китайцы, и арабы, и сербы с хорватами и боснийцами, и кого там только нет. Именно с возражения против приравнивания гаплогрупп этносам я начал статью «Геномный национализм и другие тенденции»[234].

И представьте мое изумление, когда я на днях увидел в «моей» статье в Википедии пассаж историка Л. Клейна, что «генетике в его *(то есть в моих – ААК)* работах приписывается этническое значение». И не только Клейна, а и некоего историка

Е. Пчелова, который о том же – что я якобы приписываю «генетике этническое значение». Последний еще негодует, что я «уверился в величие славян». Представляете, это говорит историк, заведующий кафедрой. Учит студентов. Я, правда, не имею понятия, на чем это основано, потому что слов «величие славян» у меня в принципе нигде и никогда не было, но по сути – конечно, у славян была великая история.

Здесь не только вопиющее невежество Клейна и Пчелова, которые даже простые тексты про то, что гаплогруппы и этничность – разные вещи – не могут воспринять, но и публичный вызов общественности о своей фактической недоброжелательности к славянам и их истории. А ларчик просто открывался: и Клейн, и Пчелов – активные норманнисты. Но их презрение к славянам и истории славян уже выплескивается за пределы норманнизма, и переходит на личность тех, кто изучает древнюю историю славян. То есть тех, кто показывает, по мнению ненавистников, «величие славян».

Так вот, эта смесь невежественности и недоброжелательности к исследователям, каким-либо образом затрагивающим уютную лунку этих «ученых», характерна для многих с подобным «строением мозга». Можете представить, как они защищают свою «лунку» от новых разработок, новых подходов, новых данных. Какими приемами пользуются. Вот и в Википедии – их почерк, приемы, откровенно лживые и безграмотные посылы. Там же и историк-археолог Л. Клейн – о популяционной генетике, можете себе представить, полагая со своего шестка, что ДНК-генеалогия – это и есть популяционная генетика. Он не имеет понятия, что у ДНК-генеалогии – своя методология, свой расчетный аппарат, что ДНК-генеалогия вовсе не занимается связью между генотипом и фенотипом популяций, что есть основной вопрос популяционной генетики. Мог бы заглянуть хотя бы в статью «популяционная генетика» в той же Википедии, или раскрыть книгу популяционных генетиков Балановских «Русский генофонд на Русской равнине» (2007), в которой на более

234 http://pereformat.ru/2013/03/genomnyj-nacionalizm/

чем 400-х страницах нет ни одного гаплотипа, или недавнюю объемную книгу группы английских популяционных генетиков[235], в которой тоже ни одного гаплотипа, не говоря об их анализе.

Тот же археолог Л. Клейн собщил, что на мои работы не ссылаются «другие специалисты», и Википедия тоже махнула это его безграмотное «свидетельство» в «мою» статью. Потом разобрались, и нашли «откат» Клейна, правда, поместили его в раздел «интересные факты», что Клейн собщил – *«мне бы надо было формулировать точнее. На его измерения и обобщения ссылки, конечно, есть».* Правда, Клейн тут же перескочил на другой негатив – *«тезис Клёсова о славянах и ариях сделал его изгоем среди ученых, занимающихся популяционной генетикой».* На самом деле Клейн литературу не читает, иначе бы не дал такого маху ни про «не ссылаются», ни про «изгоя», потому что нет ни одной статьи в академической литературе, в которой бы меня вообще критиковали. Ни одной. А вот положительных ссылок – много, порой целыми гроздьями в статьях специалистов. Но в любом случае, ДНК-генеалогия – наука новая, а для тысяч ссылок нужно время. Больше сотни ссылок уже есть, что читатель может легко сам проверить, дойдя до конца этой статьи.

Вопрос – а зачем Л. Клейну эта ложь нужна? А так, структура мозга такая. Это называется «попытка дискредитации», и у клейнов это получается автоматически, как дыхание. Они этим живут. И еще потому, что уютную лунку потревожили, показали, что норманнизм – это тоже ложь, подтасовки, манипуляции. Причем показали не на словах, а с конкретными данными в руках, которые Клейну опровергнуть не под силу. Вот он и ринулся в «дискредитацию», это его стихия, без данных в руках, но шумно. К тому же еще одна незадача для Клейна и его подельников-норманнистов – вышел фильм М.Н. Задорнова, науки в котором особой нет, основные положения специалистам известны, но есть информация, страсть, честность, патриотизм, что для клейнов хуже, чем красная тряпка для быка. Это для них сигнал нутряной тревоги. Еще бы – «народные массы» заинтересовались, обсуждения пошли, историю свою захотели лучше узнать. Есть о чем встревожиться. Вот и «дискредитация» в ход пошла, причем не меня, это-то что, а новой науки, которая камня на камне от норманнизма не оставляет. Значит, надо на нее компромат искать, а поскольку компромата нет – то придумывать.

И тут же, скоординированно, еще заядлый норманнист объявился, тот самый Пчелов, упомянутый выше. О нем – отдельный разговор, это уже «ученый» нового поколения, относительно молодой, кандидат наук, но методы «дискредитации» – те же. Почему слово «ученый» я здесь ставлю в кавычки, станет ясно позже. Так вот, свою критическую статью о фильме М.Н. Задорнова он озаглавил «История, рассказанная скоморохом», и это пошло в Википедию. Узнаете стиль? Главное – не факты, главное – дискредитировать. А ведь мог бы озаглавить статью «История, рассказанная членом Союза писателей России». Но разве пчеловы так могут? Так что перейдем к Е. Пчелову, там история поинтереснее, чем с Л. Клейном.

Не так давно один читатель на сайте Переформат оставил показательный комментарий к моей статье о скифах. Но речь в нём шла о другом:

Да, эти пчёловы научились толкаться локтями. Созданы, к сожалению, для распространения кривды десятки «кривых организаций». Десятки «кривых наград». И пытаются дурить народ.

Пчелов – действительный член Международной академии наук педагогического образования (2004), член-корреспондент Академии педагогических и социальных наук (2005), член Историко-Родословного Общества в Москве, Всероссийского Геральдического Общества, Русского Географического Общества, Всероссийской ассоциации медиевистов,

---

235 Jobling, M., Hollox, E., Hurles, M., Kivisild, T., Tyler-Smith, C. (2014) Human Evolutionary Genetics. Garland Science. New York and London. 670 pp.

Русского Генеалогического Общества, Общества Любителей Российской Словесности и др.

Награды: медаль «В память 850-летия Москвы», юбилейная медаль «300 лет Российскому флоту», ряд общественных наград, в том числе медаль ордена «За служение Отечеству» (святых великого князя Дмитрия Донского и преподобного Сергия игумена Радонежского) 3-й степени за труды по истории Отечества и пропаганду исторических традиций (2004) и медаль княгини Е.Р. Дашковой «За служение свободе и просвещению» (2011), почётный диплом РГГУ за книгу «Рюрик» в номинации «Лучшие научные издания, опубликованные преподавателями РГГУ в 2010 году», диплом лауреата конкурса на лучшую научную книгу 2010 года (за книгу «Рюрик») Фонда развития отечественного образования.

Я ответил – спасибо за информацию, очень кстати – что мы сейчас увидим. Как название «Переформат» обязывает, давайте посмотрим, чего все эти звания и награды стоят на арене международной для кандидата исторических наук Е.В. Пчелова как «ученого». Есть замечательный и полезный международный ресурс, под названием Google Scholar. Он публикует, сколько ссылок на статьи и книги исследователей делается в основных научных изданиях, причем ссылки должны быть в уважаемых изданиях, не в «мурзилках». Есть специальный перечень таких изданий, их многие сотни, если не тысячи.

Суть цитирований в научных работах описана нами выше, в разделе «Удручающие научные профили подписантов «письма 24-х», там же рассказано про индекс Хирша, принятый в науке как показатель цитируемости. Там же взят для примера индекс Хирша для историка-археолога D.W. Anthony, цитирование работ которого для историка вполне заслуженное, индекс цитирования Хирша на него равен 15. Напомню, что это вычисляется по наиболее цитированные статьям, которые у D.W. Anthony имеют число ссылок 462, 445, 127, 125, 102, 84, 62, 48, 41, 36, 26, 22, 19, 16, 15. Как только число ссылок равняется числу цитируемых статей в этом ряду, счет прекращается, имеем индекс Хирша. Индекс, равный 15 – это много. Это равно или превышает негласные (в США) требования к занятию должности профессора многих университетов. А иногда и гласные требования, это зависит от конкретных университетов. В целом на Западе считается, что для занятия должности профессора индекс Хирша должен быть не менее 12–15, плюс остальные требования для профессора. Но профессор, труды которого слабо цитируются в литературе, полноценным профессором уже рассматриваться не может. Равно как и доцентом, и ассистентом, и вообще деятелем науки. Потому что наука – это активное участие в информационных потоках. Но заслужить индекс Хирша даже выше 10 – непростая задача, и с каждым шагом продвижения по индексу трудность возрастает по экспоненте. Для большинства научных сотрудников индекс Хирша не превышает 3–4. Это – средненький состав, но таких в науке подавляющее большинство.

Пчелов – тоже историк, или во всяком случае таковым считается у себя в РГГУ. И вот теперь посмотрим, что там у Е.В. Пчелова. https://scholar.google.com/scholar?q=Pchelov&btnG=&hl=en &as_sdt=0%2C33


[CITATION] Genealogiia drevnerusskikh kniazei IX–XI v.[Genealogy of Ancient Russian Princes of 9th–10th Cent.]
EV Pchelov - 2001 - Moscow
Cited by 2 Cite Save

[CITATION] Selected Bibliography on the National Genealogy, Vestn
VA Sidorova, EV Pchelov, LG Kiseleva, MP D'yachkova - 1997 - Arkhivista
Cited by 2 Related articles Cite Save

[CITATION] Evgenika i genealogiia v otechestvennoi nauke 1920-kh godov
EV Pchelov - 2006 - Gerboved
Cited by 3 Related articles Cite Save

[CITATION] Genealogiia drevnerusskikh kniazeĭ: IX-nachala XI v
EV Pchelov - 2001 - Rossiĭskiĭ gos. gumanitarnyĭ ...
Cite Save

[CITATION] Emperor Alexander III and Empress Maria Fedorovna. Correspondence, 1884-1894
EV Pchelov - 2002 - ROSSIISKAYA AKADEMIYA NAUK ...
Cite Save

И что имеем у нашего героя? Всего три статьи с цитированиями: 2, 2, и 3 раза. На остальные упомянутые ссылок вообще нет. Индекс цитирования равен двум. И это – заведующий кафедрой в университете? Обладатель массы наград, имеющих отношение к науке? Да, увы. От кандидата наук, правда, ожидать в цитировании обычно многого не приходится, но ведь он определенно хочет и доктором наук стать, с такими-то показателями.

Но и доктора есть тоже такие, и немало. К примеру, Л.С. Клейн. Как рассказывалось выше, у него индекс цитирования 11. На профессора не дотягивает, но для доцента подойдет. Почему так мало, несмотря на многие книги? Да потому. Значит, такова важность исследований Л. Клейна с точки зрения мировой науки. Кстати, на его работы по норманнизму удалось найти всего четыре ссылки. Такой, стало быть, интерес. Этим они, получается, только наших людей пичкают, что Русь шведы основали. А «шведских» по происхождению гаплотипов у русских практически нет – ни у предполагаемых Рюриковичей, ни у потомков детей боярских, ни вообще у этнических русских. Вообще никаких. Если есть, то на уровне статистического шума, что в науке не считается. Понимаете, почему клейны и пчеловы нервничают, ерзают на своих кабинетных стульях? А что цитируют у Клейна? Пожалуйста, «Марксизм и археология», «Марксистский взгляд на археологию в Британии»… Не случайно в дискуссии на «Троицком варианте» один из дискутантов бросил -

«Уважаемый ЛСК, то, что Вы публикуетесь в самиздате, не входящем ни в одну базу данных, мы знаем. Ну так эти публикации и не относятся к науке. Это публицистика. Ваши публикации, которые входят в базу данных и цитированы более чем 4 раза (Ваш Хирш равняется четырём) конкретно следующие… Вы меня, конечно, извините, но сами названия (кроме может быть первых двух статей с ненулевым индексом цитирования) говорят о том, что автор наукой не занимается, а занимается политической конъюнктурой и мафиозными (идеологическими) разборками. Остальные 17 публикаций также имеют очевидно политическую окраску и написаны «в корзину»: их никто не читал и никто на них не ссылается. Как назвать подобную полуполитическую околонаучную активность?»

Да, «марксизм и археология» у Клейна… Знаем, что он на это скажет – «Время было такое… ну что было делать… так было надо». Нет, претензий не будет. Но это дополняет общую картину о человеке и его морали.

И вот эти люди типа Клейна категорически против использования индекса цитирований для оценки научного вклада ученых, и российских ученых в особенности. Догадайтесь с одного раза, почему против. Они выдвигают массу возражений, среди которых

наиболее впечатляющее – «коленопреклонение перед Западом». Повеяло 1950-ми годами, не так ли? Или – «у меня масса книг, в лучших издательствах мира. Но в индекс цитирования они не входят» (Клейн). Лукавит Клейн, прекрасно знает, что входят. Просто его книги не вводятся в международные научные информационные потоки, наукой они не востребованы. А вот у Anthony и тысяч других – востребованы. В этом суть науки. Но не для пчеловых и клейнов. Для них суть науки отражена в цитате выше, данной читателем. И это они кричат: реформы разрушают российскую науку! На самом деле не реформы – они, пчеловы и клейны, и разрушают.

Популяционная генетика без прикрас, хотя при чем здесь Воронеж?

Историк Лидия Павловна Грот недавно побывала в Воронеже на презентации своей вышедшей недавно книги «Прерванная история русов: Соединяем разделённые эпохи». В выступлении она рассказала о том, каким важным инструментом в ее исследованиях оказалась ДНК-генеалогия, и сообщила, как сейчас представляется картина миграций далеких предков гаплогруппы R1a, которую сейчас имеют в среднем половина этнических русских. Ниже – выдержка из письменного варианта тезисов ее сообщения.

Наш род или гаплогруппа R1a . *ДНК-генеалогия называет его праславянами или славянами, т. к. к нему принадлежит большинство современных славян. Его представители примерно 4900–4600 лет тому назад передвинулись на Среднерусскую равнину, шли и с Балкан, и с Южной Балтии, с территории современной Германии как бы полосой. Примерно 4500 лет назад они стали расходиться по разным направлениям как легендарные арии – на юг, через Кавказ в Месопотамию, на Ближний Восток (митаннийские арии) и Аравийский полуостров; на юго-восток, в Среднюю Азию и далее, через 500 лет, то есть примерно 3500 лет назад – на Иранское плато (авестийские арии).*

После ухода ариев на восток примерно 4500 лет назад в Восточной Европе осталась ветвь R1a-Z280, к которой относится большинство современных этнических русских, соответственно, по моему предложению, с которым согласился А. А. Клёсов, эта ветвь представляла древних русов.

Вот эти древние русы, а также та часть ариев, которая осталась на Русской равнине и влилась в состав русов, стали наиболее древними предками русских, украинцев, белорусов. Иначе говоря, русские имеют с ариями одних и тех же предков, которые с распадом индоевропейской общности в течение III тыс. до н. э. разошлись, как расходятся сыновья одного отца. Поэтому, как подчеркивает АА.Клёсов, «славяне», «арии», «скифы» это в своей основе – одни и те же люди, один род, но разных исторических эпох. Они связаны прямой наследственностью в рамках рода R1a. Вот начальный рубеж нашей истории, от него мы должны идти…

Я бы внес некоторые коррективы, а именно что носителей R1a можно называть славянами только в определенном контексте, только в применении к современным носителям языков славянской группы – чехам, полякам, болгарам, сербам, словенцам (и другим жителям бывшей Югославии), белорусам, украинцам, русским и другим, попадающим в эту категорию. Скажем, ирландцев или бельгийцев, уйгуров или индийцев, у которых найдена гаплогруппа R1a, славянами назвать никак нельзя, хотя их предки определенно тоже вышли с Русской равнины. Если первых относительно мало в сравнении с носителями гаплогруппы R1a в Восточной Европе, то индийцев с гаплогруппой R1a уже примерно 100–200 миллионов (мужчин, естественно), по разным оценкам. Они – не славяне. Если же говорить об их предках, то их можно условно назвать праславянами, если договориться об определении, кто такие были праславяне.

Скажем, далекие предки тех же ирландцев или бельгийцев с гаплогруппой R1a жили в основном на Русской равнине, многие имели субклад R1a-Z280 (хотя многие – субклад R1a-

Z284), как и большинство этнических русских гаплогруппы R1a, и их вполне можно было, на мой взгляд, назвать праславянами. Они пришли, в конце концов, на Британские острова и в Центральную Европу с Русской равнины – кто мирной миграцией, кто боевым путем (как скифы, например, или римские легионеры), кто попал в плен или осел там другими путями. Далее, славяне – это не только R1a, которых примерно половина русских, поляков, украинцев, белорусов, треть сербов, хорватов, словенцев, но это и носители гаплогрупп I1, I2, N1c, и многих относительно немногочисленных гаплогрупп, называющих себя этническими русскими или другими народами славянской группы. Называть славянами только носителей R1a – это обижать других.

В общем, это относительные мелочи, и они происходят от неустоявшихся определений. В основном же, тезисы Л.П. Грот правильны, и продвигают вперед историческую науку. Будут появляться новые данные, вноситься уточнения, как обычно в науке, но на сегодня это вполне разумная концепция.

Это была затравка, не только об этом я хотел поговорить. А о том, с какими трудностями, в основном, ментального характера (а вовсе не научного) оппонентов продвигаются положения ДНК-генеалогии в массы, далекие от критического осмысления того, что они, оппоненты, слышат. Именно с такими оппонентами встретилась Л.П. Грот в Воронеже. Заметьте, что основной тезис оппонентов, о которых я сейчас говорю – не возражения научного характера, не противопоставление фактов, которые бы противоречили данным ДНК-генеалогии, не прочая научная аргументация. Это – тупое «а Баба-Яга против». Другими словами, «а вот другие полагают иначе», где другие – это неназванные «популяционные генетики».

Здесь надо сказать, что я еще ни разу не встречал популяционных генетиков, которые бы мне возразили аргументированно, с выставлением контраргументов, показали, в чем мои расчеты неверны, показали, как нужно считать и почему их расчеты лучше. Или лучше другие интерпретации. На это есть простая причина – они сами вовсе не уверены, что считают правильно. Они не разбираются. Они знают, что *так принято;* как им предписано считать, они так и считают. Почему, на чем это «так принято» основано, они не знают, а если и слышали, то никогда критически в этом не разбирались. Вот это и есть результат отсутствия у попгенетиков научной школы. То, без чего наука погибает. Она, наука, у них в огромной степени уже погибла, и это последовательно происходило последние десять лет, со времени узаконивания у них в 2004 году «популяционных скоростей мутаций», или «скоростей Животовского». Я об этом расскажу ниже.

Надо сказать, что Л.П. Грот была в восторге от тех в Воронеже, кто ее пригласил и организовал дискуссию. По ее словам, это отличные люди, энтузиасты русской истории и культуры, современные и прагматичные. Приятно было, по ее словам, то, что дискуссия собрала много участников, особенно приятно было, что пришло много преподавателей воронежских вузов – историков, юристов, археологов. Правда, оказалось, что для археологов исследования Л.П. Грот о норманизме как части шведского политического мифа были мало известны, поэтому ими высказывались взгляды, не выходившие за рамки классического норманизма, однако, был и явный интерес к выступлению, а это всегда – вероятность продолжить разговор, что как раз и требуется от подобных встреч. Но на дискуссию пришли также те, для которых «а Баба-Яга против». Среди них и воронежский специалист по историографии «Ригведы», некто А. Семененко. В генетике он, естественно, не разбирается, и тем более в ДНК-генеалогии… в общем, мы ниже предоставим ему слово. На презентации Л.П. Грот он высказывался теми же словами, что и в своем блоге. Блог я не собираюсь рекламировать, кому надо, найдут, но цитаты из него дам. Мне этот Семененко, разумеется, безразличен, как и его мнение, но его слова показательны. Их полезно разобрать, именно аргументированно. Одно дело мне излагать положения в статьях, но многие в статьи, как показывает опыт, «не врубаются», или просто их не читают, и тем не менее выскакивают с критическими замечаниями. Поэтому статьи часто не помогают многим разобраться в вопросе, и вот тогда полезны разборы слов «критиков».

«Критикам», как правило, это не помогает. Они же не «истину» ищут, для них важен злобно-критический процесс (ниже мы увидим слова типа «бред»), они этим живут. Рецепторы здравомыслия у них отсутствуют, те места другими рецепторами заняты. Но вот другим, кто своего мнения пока не имеет, эти контраргументы порой полезны.

Итак, в блоге Семененко один из участников пересказывает (не очень точно, но приемлемо) мои слова, говоря о гаплогруппе R1a – *«у половины русских есть эта гаплогруппа, но она у них появилась 5 тыс. лет назад, а у арабов 3,5 тыс. лет»,* и далее – *«профессор Клёсов говорит на 25-ой минуте (видео), что арии появились на Балканах и стали двигаться на восток. Вроде бы это расходится с вашими данными, или нет?».*

Далее отвечает Семененко. Заметим, что никаких «данных» у него нет. Более того, никакого ответа по сути заданного вопроса он не дает. Люди без тех самых рецепторов на прямые вопросы не отвечают, им это ни к чему. Для ответа надо знать материал, разбираться в нем. А они не знают и не разбираются. Поэтому смотрите, так сказать, за руками того, кто отвечает. Поскольку Семененко вываливает ворох несуразиц, и на вопросы не отвечает, его пассажи я буду комментировать по частям, для ясности. Итак, приступаем…

Семененко: *Профессор Клёсов – не генетик. Я опираюсь на данные международных коллективов профессиональных генетиков, опубликованные в ведущих международных научных журналах по генетике. А профессор Клёсов у них пользуется очень дурной славой. Он считает, что разработал собственную методику определения скорости накопления генетических мутаций, поэтому его «датировки» расходятся с датировками профессиональных генетиков.*

Заметим опять, что, как принято у людей без того самого рецептора, разговор переключается на другое, ответа на заданный вопрос не дается. Вопрос-то был – расходятся ли с данными Семененко? Семененко, был бы честным, ответил бы – данных у меня нет. Вместо этого он почему-то начал, что я не генетик. Я и не нейрофизиолог, и не специалист по глотанию шпаг. Но при чем здесь генетика? Я – специалист по скоростям химических и биологических реакций, автор книг и университетских учебников по этой тематике, кстати, удостоен Госпремии СССР по науке именно за работы по скоростям и константам скоростей реакций, и здесь не имеет значения, это скорости накопления мутаций в ДНК или скорости других процессов, закономерности, в целом, одни и те же. Именно знание этих закономерностей и заставило меня ужаснуться тому, как это делают популяционные генетики. А они следуют «методу», который разработал Л.А. Животовский с коллегами более десяти лет назад, применив совершенно искаженные представления и необоснованные допущения.

Для начала поясним, что Л. Животовский применил совершенно усредненные и искусственные приближения, приняв, что константа скорости мутаций в Y-хромосомах ДНК должна быть усреднена по 10 тысячам (!) гаплогрупп за все время существования человечества, и тогда у него получилось, что она, константа скорости мутации, должна быть равна 0.00069 мутациям за 25 лет на маркер, причем она одинакова для любых гаплотипов, 6-, 7-, 8-, 9-, 10-, 12-маркерных и так далее. Любой, кто имеет хотя бы минимальный опыт работы с гаплотипами знает, что для каждого маркера есть своя константа скорости мутации, и в 6-маркерные гаплотипы попадают одни маркеры, в 8– или 9-маркерные свои (и, значит, средняя константа скорости мутации будет уже другой), в 10– или 12-маркерные гаплотипы добавляются еще другие маркеры со своими константами, и так далее. Считать, что константа одна на все – это вносить значительную погрешность в расчеты. Именно эту ошибку делают все без исключения *«международные коллективы профессиональных генетиков»,* **чьи фундаментально ошибочные статьи** *«опубликованы в ведущих международных научных журналах по генетике».* Это – трагедия современной популяционной генетики. А люди без тех самых рецепторов, не думая, не зная и не понимая, продолжают кудахтать, другого слова не подберу, что «он не генетик». Это-то здесь при

чем? Нет в ДНК-генеалогии генетики, генетика закончилась до ДНК-генеалогии, когда генетики определили, какие мутации есть в ДНК, сколько «тандемных повторов» есть в маркерах, и какие снипы найдены в каких участках Y-хромосомы. Иначе говоря, генетика, а точнее, лаборанты в компаниях типа FTDNA или в РАН, снабжают нас этими данными, а ДНК-генеалогия идет дальше, проводя количественную обработку этих данных, чего генетики делать уже не умеют. У них образование не то, их этому не учили. А учиться, как показывают последние 6–8 лет, они или не могут, или не хотят.

Давайте посмотрим, насколько промахиваются популяционные генетики, применяя свои «популяционные скорости». Как уже было сказано выше, для 6-, 7-, 8-, 9-, 10-, 11-, 12-, 17-, 23-маркерных гаплотипов (а с более протяженными популяционные генетики уже не работают, а если что-то и появилось в последнее время, то это как исключение) для попгенетиков константа скорости мутации для всех указанных гаплотипов равна 0.00069 на маркер на 25 лет, то есть для всех одинакова. В ДНК-генеалогии, однако, для указанных типов гаплотипов общая (то есть кумулятивная) константа скорости мутации равна:

6-маркерные	0.0074 мутаций на гаплотип за условное поколение в 25 лет,
7-маркерные	0.0103
8-маркерные	0.0105 и 0.0163 (в литературе есть два варианта 8-маркерных гаплотипов, в один входят DYS388 и DYS392, в другой – пара DYS385a-DYS385b
9-маркерные	0.0167 и 0.0135 (в литературе есть два варианта 9-маркерных гаплотипов, в один входит пара DYS385a-DYS385b, в другой DYS388 и DYS439)
10-маркерные	0.0169, 0.0197, 0.0136 и 0.0149 (есть четыре варианта 10-маркерных гаплотипов)
11-маркерные	0.0226 и 0.0145 (есть два варианта 11-маркерных гаплотипов)
12-маркерные	0.02 (в формате FTDNA)
17-маркерные	0.0365 и 0.0304 (первый в формате Y-filer, включающий пару DYS385a,b, второй вместо этого включает DYS426 и DYS388).
23-маркерные	0.0570

Соответственно, константы скорости мутаций в расчете на маркер варьируются в пределах от 0.00123 для 6-маркерных гаплотипов до 0.00248 для 23-маркерных гаплотипов, то есть в два раза. А в «методе Животовского» они все равны. Более детально, ошибка популяционных генетиков (в сторону завышения датировок) составляет, соответственно:

178%	для 6-маркерных гаплотипов,
213%	для 7-маркерных,
190-296%	для 8-маркерных,
217-270%	для 9-маркерных,
197-286%	для 10-маркерных,
191-297%	для 11-маркерных,
242%	для 12-маркерных,
259-312%	для 17-маркерных, и
359%	для 23-маркерных гаплотипов.

Если продолжить этот ряд, то для 37-маркерных гаплотипов «популяционная константа Животовского» даст величину 0.00069x37 = 0.02553 мутаций за 25 лет, а настоящая, откалиброванная величина равна 0.090, то есть ошибка попгенетиков составит уже 353 % в сторону завышения датировок. Если, например, арии пришли в Индию 3500 лет назад, то «константа Животовского» даст 12 355 лет. Так попгенетики и получают (см. например, статью Underhill et al[236]), и это привело их к следующему выводу (цитирую заключительную фразу абстракта к цитируемой статье Underhill: *Importantly, the virtual absence of M458 chromosomes outside Europe speaks against substantial patrilineal gene flow from East Europe to Asia, including to India, at least since the mid-Holocene.* Перевод: «Важно, что отсутствие M458 за пределами Европы свидетельствует против потока генов из Восточной Европы в Азию, включая Индию, во всяком случае со времен среднего голоцена».

То есть, на основании своих исключительно некорректных расчетов они получили, что гаплогруппа R1a не могла придти в Индию ранее 12 тысяч лет назад (на самом деле они получили 14 тысяч лет назад), поэтому, по их заключениям, никакие арии в Индию не приходили, во всяком случае, до середины голоцена. Датировку R1a-M458 они «взмыли» во времена 11 200 лет назад (на самом же деле, это должно быть в три раза меньше), и заключили, что поскольку их в Индии нет, то опять же до голоцена никакие R1a в Индию не приходили. В действительности же, датировка R1a-M458 в Европе не превышает 4000 лет назад, а к тому времени арии уже ушли на юг и восток, потому-то R1a-M458 с ними не было, просто не успели.

И вот таким мусором заполнены академические издания в области попгенетики. В ответ на эти мои слова Балановская патетически (и фальшиво) восклицает, что «он называет мусором всё богатство популяционной генетики». Какое «всё богатство»? Зачем эта демагогия? Что, наверху процитировано «богатство»? Мусор и есть.

В цитируемой статье такая обойма авторов: Underhill, Myres, *Руутси,* Metspalu, *Животовский,* King, Lin, Chow, Semino, Battaglia, *Кутуев, Ярве,* Chaubey, Ayub, Mohyuddin, Mehdi, Sengupta, *Рогаев, Пшеничнов, Балановский, Балановская,* Jeran, Augustin, Baldovic, Herrera, Thangaraj V. Singh, L. Singh, Majumder, Rudan, Primorac, *Виллемс, Кивисилд.* Представляете, 34 автора (российских и эстонских я выделил кириллицей, страна должна знать своих героев), и никто не понимает, что они делают, как и зачем так считают. В итоге полностью искаженное представление истории. Это же вынесено в виде критики на «мою» страничку в Википедии (хотя не я ее писал и представлял, там немало погрешностей в моей биографии), в которой делается вывод, что я неправ, и арии в Индию не приходили, и что это

236 Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C.-E.T, Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Järve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A, Mehdi S.Q., Sanghamitra S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Dubravka Havas A., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human Genetics, 18, 479–484.

якобы современные представления. И дается галерея таких вот «мусорных» ссылок попгенетиков. Стыд и позор тем, кто такую ерунду написал, а редакция Википедии приняла.

Вот такая цена словам Семененко и иже с ним, что «Я *опираюсь на данные международных коллективов профессиональных генетиков, опубликованные в ведущих международных научных журналах по генетике* ». Грош цена этим «международным коллективам профессиональных генетиков», а также рецензентам этих «международных научных журналов».

>А профессор Клёсов у них пользуется очень дурной славой. Он считает, что разработал собственную методику определения скорости накопления генетических мутаций, поэтому его «датировки» расходятся с датировками профессиональных генетиков.

Теперь понятно, что за этим кроется, и почему «дурная слава»? Не могут они ничего противопоставить, кроме как тихо (а порой и громко) ненавидеть, организовывать «дурную славу». Когда я в далеком 2009 году разнес на 14 страницах в журнале Human Genetics их «подходы», они (тот же Животовский с коллегами) ответили в конце своего «ответного комментария – «Finally, regarding the deta1led “haplotype trees” offered by the Comment, these are indeed interesting and can be very instructive». То есть, «в отношении «дерева гаплотипов», предложенного в Комментарии, это интересно и может быть очень инструктивным». За прошедшие пять лет, впрочем, этой «очень инструктивности» авторы не проявили. Вот их фамилии: Michael Hammer, Doron Behar, *Tatiana Karafet,* Fernando Mendez, Brian Hallmark, Tamar Erez, *Lev Zhivotovsky,* Saharon Rosset, Karl Skorecki. Так что, как видим, «международный коллектив профессиональных генетиков», не имеющих понятия, что они фундаментально ошибаются в своих подходах, отнюдь не маленький. Это – «цвет» международной популяционной генетики. Кстати, в «дискуссии» на «Троицком варианте», некие Веренич и Запорожченко (первый – любитель, второй – попгенетик без ученого звания, то есть по сути техник-лаборант) настаивали, что деревья гаплотипов ничего не дают, а вот цвет попгенетики считает, что это очень интересно и «инструктивно». Мне остается, как герою кинофильма «Волга-Волга», свести их телефонные трубки вместе, пусть обсуждают друг с другом.

Дам еще иллюстративный пример. В Шотландии есть знаменитая «генеалогическая» семья МакДоналдов, их несколько тысяч человек, на них работает целый штат профессиональных генеалогов, их документальная генеалогия изучена во всех возможных деталях. И неудивительно, они берут свое начало от шотландского вождя Сомерледа, среди их предков наполеоновский маршал МакДоналд и много других выдающихся людей. Основная группа МакДоналдов гаплогруппы R1a ведет свою линию от Джона Лорда Островов (John Lord of the Isles), умершего в 1386 году, то есть 628 лет назад. Принимая 25 лет на поколение (именно эта величина входит в величины констант скоростей мутаций, приведенные выше), получаем, что Джон умер 25 поколений назад, то есть жил примерно 26 поколений назад. Выше в этой книге показано, что расчеты методами ДНК-генеалогии дают совершенно разумное совпадение с документальной генеалогией по Джону и его потомкам, от 6– до 67-маркерных гаплотипов.

Считаем «по Животовскому» в простейшем варианте для 6-маркерным гаплотипов: 17 мутаций на 68 гаплотипов дает 17/68/6/0.00069 = 60 поколений, то есть 1500 лет до Джона. Это называется «ни в какие ворота». Не говорите об этом расчете генеалогам семейства МакДоналдов, засмеют и выгонят, откажутся разговаривать.

Теперь считаем «по Животовскому» по 25-маркерным гаплотипам: 69/60/25/0.00069 = 67 поколений, то есть 1675 лет до Джона. Опять в те же ворота, то есть «ни в какие». Вот так работают расчеты «популяционных генетиков». Как видим, разница та же, завышение в датировке на 260–270 %, в данном конкретном случае. А поскольку случаи разные, то попгенетики задирают датировки обычно в 2.5–4.0 раза. Вот такая цена их расчетам.

«Знающий» попгенетик возразит – не может быть, Животовский свои скорости мутаций калибровал, это все популяционные генетики знают, и основополагающая статья его 2004 года основана на калибровках его скорости мутации, той самой, 0.00069 мутаций на 25 лет на маркер. Там всё доказано, потому его константу и взяли за основу в популяционной генетике. Но я в этой книге показал выше, какая там была «калибровка». Подтасовки и передергивания, а не калибровка.

Выше в этой книге я не упомянул, как Животовский «калибровал» свою «скорость» по африканским банту. С ними и того хуже. Раздел «Материалы и методы» в «калибровочной» статье Животовского, раздел про банту. Читаем – «анализировали 148 человек гаплогруппы Eза7-M191», перечисляются племена, сообщается, что анализ проводили по 10-маркерным гаплотипам.

Раздел «Результаты». Данных по Банту нет, они вообще в данном разделе не упоминаются.

Раздел «Обсуждение». Банту не упоминаются.

Раздел «Применение». Говорится, что применили полученную величину 0.00069 к популяции Банту, чтобы посмотреть, как это коррелирует с археологическими, лингвистическими и историческими данными. Далее говорится, что если усреднить по всем 11 племенам и популяциям, перечисленным в разделе «Материалы и методы», то получится 3400±1100 лет до «экспансии» Банту в подгруппе со снипом M191. И далее – «археологические и лингвистические данные поддерживают это значение, поскольку показывают присутствие Банту в Западной Африке в неолитические времена, ~ 1000 лет до нашей эры, или даже 2000 лет до нашей эры». И далее – «Величина 3400 лет назад может рассматриваться как нижняя граница для времен экспансии Банту… Если мы возьмем наиболее частые гаплотипы среди тех 148 хромосом как предковые, и приложим к ним величину 0.00069, то время для M191 получится 14700 лет… В этом случае, экспансия Банту могла произойти ранее, чем 3500 лет назад». И далее идут долгие рассуждения с неопределенной концовкой.

Ну и где здесь калибровка? Если это «калибровка», то что такое не калибровка?

К сожалению, исходные данные (гаплотипы) в статье не приведены, ссылка статьи, что они «в сети», не дает никакого линка. Я могу только заключить, что рассматриваемая популяция Банту молодая, не более 1000–1200 лет до общего предка, как это часто бывает с африканскими популяциями, только недавно прошедшими очередное бутылочное горлышко. Ни к каким археологическим или лингвистическим данным это не имеет никакого отношения, как и к «заявленным» 14700 лет, которые к «калибровке» вообще не имеют отношения.

Вот такая цена «калибровкам» Л.А. Животовского, которые стали краеугольным камнем популяционной генетики в последние 10 лет. Кроме как «стыд и позор» других слов я не подберу. Последние пять лет я объясняю это в научной литературе, начиная со статьи в Journal of Genetic Genealogy[237] (2009) и Human Genetics[238] (2009), и далее в журнале Advances in Anthropology[239], выступаю на англоязычных форумах. Но попгенетикам – как о стену горох. Они продолжают плодить в академической литературе мусор. А те, кто в этом ровным счетом ничего не понимают, как тот же воронежский Семененко, тем не менее,

---

[237] Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186–216; Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217–256.

[238] Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, 126, 719–724.

[239] Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26-34

вылезают со своим критическим словом:

>А профессор Клёсов у них пользуется очень дурной славой. Он считает, что разработал собственную методику определения скорости накопления генетических мутаций, поэтому его «датировки» расходятся с датировками профессиональных генетиков.

Полагаю, смысл этих слов сейчас понятен лучше. Причина «дурной славы» тоже понятна, если почитать выше. Не оставляю я в покое популяционных генетиков с их жульничеством. Правда, одна маленькая деталь. Никакой «дурной славы» в научных публикациях попгенетиков у меня нет. Никто и никогда из них не высказался негативно в отношении моих расчетов. Видимо, Семененко пересказывает приватное, кулуарное жужжание. И на том спасибо, это дало мне возможность рассказать интересующимся, в чем там дело. Поэтому продолжим цитировать Семененко, беря его слова как пример жужжания на тему, в которой он не разбирается. А я продолжу пояснения.

Семененко – Цитирую профессора Клёсова: « Я опираюсь на свои источники, потому что работаю в совершенно новой области науки». *У него своя ««генетика». А у остальных генетиков мира – своя. Я как-то склонен полагать, что в генетике своих источников, своих методов, своих способов расчётов скорости мутирования генов нет.*

Если это действительно моя цитата, то я с ней в целом согласен. Я действительно опираюсь на свои источники, это – кинетика химических и биологических реакций. К генетике она никакого отношения не имеет. Так что фраза Семененко «у *него своя генетика* » – это бессмыслица. Ошибка – полагать, что направление науки определяется объектом исследования. Изучать ДНК-это далеко не обязательно генетика. Об этом я писал в этой книге выше, и проводил примеры. Например, химик, растворяя ДНК в кислоте и изучая, скажем, вязкость получаемого раствора, вовсе не занимается генетикой.

«Молекулярной историей» (ДНК-генеалогией) это назвать никак нельзя.

Продолжаем цитировать «эксперта» Семененко:

Проблема Клёсова, на мой взгляд в том, что он смешивает научные и ненаучные данные. Т. е. у него есть определённые интересные выводы (связь R1a и R1b с индоевропейцами), но в целом его теорию миграций индоевропейцев я не принимаю, поскольку она явно построена с помощью натяжек и предвзятых данных. Он является ярым инвазионистом относительно истории индоариев в Индии и выводит их из Аркаима, хотя археологически это опровергнуто уже давно. И при этом он сам заявляет, что R1a зародилась в Китае, потом проникла оттуда в Южную Азию, потом исчезла оттуда и вернулась снова в соответствии с канонами инвазионизма/иммиграционизма во II тыс. до н. э. Так что это явный бред с подтасовкой ««фактов».

Здесь у Семененко – гроздь недоразумений. Видимо, «критик» не в ладах с разницей понятий «данные» и «интерпретации». Какие, интересно, «ненаучные данные» я с чем-то смешиваю? Что это за «ненаучные данные»? Гаплотипы? Гаплогруп-пы? Субклады? Снипы? И что же там «ненаучного»? Если это «теория миграций индоевропейцев» – то это уже не данные, а интерпретации. Видимо, Семененко не понимает, что «теория» и «данные», это, так сказать, две большие разницы. Я вполне допускаю, что некоторые мои интерпретации допускают другую трактовку, в них возможны подвижки, которые будут появляться с появлением нового знания. Но если Семененко «не принимает», как он пишет, то это не аргумент, это его личное дело. Как и «построена с помощью натяжек и предвзятых данных». Какие там натяжки и предвзятые данные – Семененко, разумеется, не говорит. Это в моей классификации – «ля-ля». Для тех, у кого нет упомянутых ранее рецепторов – это любимое

дело. Сотрясать воздух, не приводя никаких предметных аргументов. Выйдите, покажите, где там «натяжки» и «предвзятые данные», предложите свои объяснения, непременно основанные на фактах, на экспериментальных данных, тогда и поговорим.

Что касается «связи R1b с индоевропейцами», то там Семененко опять что-то не понял, и в любом случае изложил невразумительно. Не было у R1b никакого «индоевропейства» до начала I тыс. или конца II тыс. до н. э. Нигде, где они проходили, индоевропейских языков не оставили – ни на севере Казахстана, ни на Средней Волге 8–6 тыс. лет назад, ни на Северном Кавказе 7–6 тыс. лет назад (там они оставили другие языки), ни в Месопотамии, ни у шумеров, ни в Египте, ни у басков. Ни потом в Европе до конца II тыс. до н. э. Везде там были (или кое-где остались) другие, неиндоевропейские языки. Индоевропейские языки появились у эрбинов (носителей гаплогруппы R1b) только во времена кельтов, в первой половине I тыс. до н. э. Это кельты, судя по данным ДНК-генеалогии, принесли ИЕ языки в Европу, причем, видимо, с гаплогруппой R1a. Сейчас, разумеется, подавляющее большинство носителей гаплогруппы R1b в Европе говорят на ИЕ языках, но попгенетики всегда переносят то, что есть сейчас, на то, что было тысячелетия назад. Поэтому в их понимании R1b **всегда** говорили на индоевропейских языках, раз говорят на них сейчас.

Но давайте разберем цитату «эксперта» по частям. Часть первая: *Он является ярым инвазионистом относительно истории индоариев в Индии и выводит их из Аркаима, хотя археологически это опровергнуто уже давно.*

Я был бы признателен за сведения о том, что там «археологически опровергнуто», тем более «уже давно». Что именно? Что в Аркаиме были не арии? Что они не прошли в Индию примерно в середине II тыс. до н. э., а, возможно, еще и ранее, и это «опровергнуто археологически»? Я не знаю, что такое «инвазионист», и тем более «ярый», но догадываюсь, как в том старом анекдоте известное радио не знало, что такое горжетка, но догадывалось. Семененко вообще как-то вязко пишет, что-то у него с изложением мыслей не так. Что такое «выводит их (видимо, индоариев) из Аркаима»? На самом деле Аркаим – это транзитный путь ариев, изначально выводить оттуда просто нельзя. Или они там завелись сами по себе, как мыши в грязном белье (была такая теория, правда, про другое)? Или Семененко полагает, что в Аркаиме были не «индоарии», а «иранцы» (был такой спор среди археологов), но я эти термины не использую (хотя не мешаю использовать другим), назвать их ариями будет достаточно.

Л.С. Клейн в своей недавней книге «Этногенез и археология» (том 2, стр. 39) пишет об обнаружении в Южном Приуралье (Синташта) погребений с конями, колесницами, изображением свастики. Или это не арии? Что там «отвергнуто археологически»? Видите, какой это дефект, любезный А. Семененко, когда критик не может связно выражать мысли. Приходится гадать, что он намеревался сказать, потому что в итоге получилась некая каша.

Читатель задает ему вопрос: «*Александр, а Вы бы не могли ответить, пожалуйста, какие именно работы современных исследователей в области молекулярной генеалогии Вы использовали в своих работах? И насколько результаты этих исследований совпадают с данными других наук? Насколько точны данные ДНК-генеалогии? Есть ли разночтения в датировках (этногенез, миграции)?*»

Семененко, как для него характерно, на прямой вопрос не отвечает. Ни на то, какие работы современных исследователей он использует, ни на то, как эти данные соотносятся с данными других наук, ни на вопрос о точности данных ДНК-генеалогии (этого он уж точно не знает), ни на вопрос о датировках. Вместо этого он приводит список своих статей, все местных региональных конференций. Не густо, пожалуй. Посмотрим, что там.

Первый источник – типичная провинциальная компиляция: кто, что, когда, о чем сказал. Иванов сказал то-то, Петров ему возразил, Сидоров высказался иначе. Шлегель указал, Лэтэм отметил, Мюллер указал, Мюир отметил, Уилсон поправил, Якоби, Бюллер, Винтернитц, Вулнер, Грисволд, Моултон, Калла, Норман, Маршалл, Уилер, опять Мюллер, Казанас, и все что-то отметили или указали. Своего, от Семененко, ровным счетом ничего нет, ни единого своего слова, никаких своих данных. Вплоть до конца статьи – сплошные

ссылки на других. Вывод: «как говорит ссылка 52» (набор авторов из разных книг и статей – Шаффер и Лиштенштейн; Эрдоси; Витцель; Кенойер; Элст; Кордона и Джейн; Мак-Интош), археологических следов арии во II тыс. до н. э. не оставили, а «как говорит ссылка 53» (опять десяток книг и статей, сообщение, что древнеиндийские тексты «об этом» (об отсутствии археологических следов?) не говорят. О чем «об этом»-то? Как можно быть таким косноязычным? А «как говорит ссылка 54», между 6500 и 2800 лет назад, как было найдено, имеется непрерывный ряд однотипных костных останков человека, то есть не было «ощутимых вливаний извне». Ссылки, правда, все 15-20-летней давности, или вообще без указания года. Наконец, «как говорит ссылка 55» (одна работа 77-летней давности, еще три без указания года издания, в том числе под названиями «Лингвистические аспекты», «Ригведная Индия» и тому подобное), «индоарии не могли прийти в Индию после 4500 лет до н. э.», то есть позднее 6500 лет назад. Всё, конец статьи. Статья ссылкой «как говорит» и закончилась.

Доказательств – по сути никаких, все столь же вязко. В качестве доводов (хотя их и доводами назвать нельзя) – те же перепевы про Митанни, про индоариев, кто куда ходил – ничего нового, все это повторяется десятилетиями, компилируется, пересказывается, повторяется. Читать откровенно неинтересно. Это все то, что довольно безжалостно называется «провинциальными потугами на науку». Неинтересно еще и потому, что ДНК-генеалогия в корне противоречит этим соображениям, потому что большинство носителей гаплогруппы R1a в Индии имеют субклад R1a-L657, который образовался всего примерно 4600 лет назад, и шлейф его уходит в Индию со стороны Европы. В Европе его очень мало, в Индии – миллионы человек. Это – те самые «индоевропейцы», потомки древних ариев. Датировки ДНК-генеалогии стыкуются с временами прихода ариев в Индию во II тыс. до н. э., причем именно с севера или северо-запада. В общем, это можно обсуждать, но не с Семененко. Что же касается археологии, то советую Семененко почитать хотя бы последнюю книгу Л.С. Клейна «Этногенез и археология», глава «Откуда арии пришли в Индию». Хоть я Клейна и ругаю за непонимание и за нежелание понять ДНК-генеалогию, но археологический материал он собирает довольно аккуратно.

Так вот, упомяну просто на ходу, что археологи прослеживают миграцию ариев из Причерноморья (катакомбная культура) в Индию, и это неплохо доказано еще с 1970-х годов, то есть уже больше 40 лет. Что-то я у «индолога» Семененко я этого не видел. Он материал всегда подает односторонне, что, как известно, «подобно флюсу», это еще Козьма Прутков знал. А катакомбная культурная общность располагалась к западу от срубно-андроновского круга в первой половине II тыс. до н. э., то есть примерно 4000–3500 лет назад. И далее, как отмечает Клейн, цепь катакомбных памятников и культур выявлена между Северным Причерноморьем и Индией, причем их возраст уменьшается по мере продвижения от Причерноморья к Индостану. И далее Л. Клейн подробно описывает материальные признаки из погребений, которые свойственны как ариям Причерноморья и по всему указанному выше пути, так и ариям в Индии. Так что советую Семененко учить материальную часть.

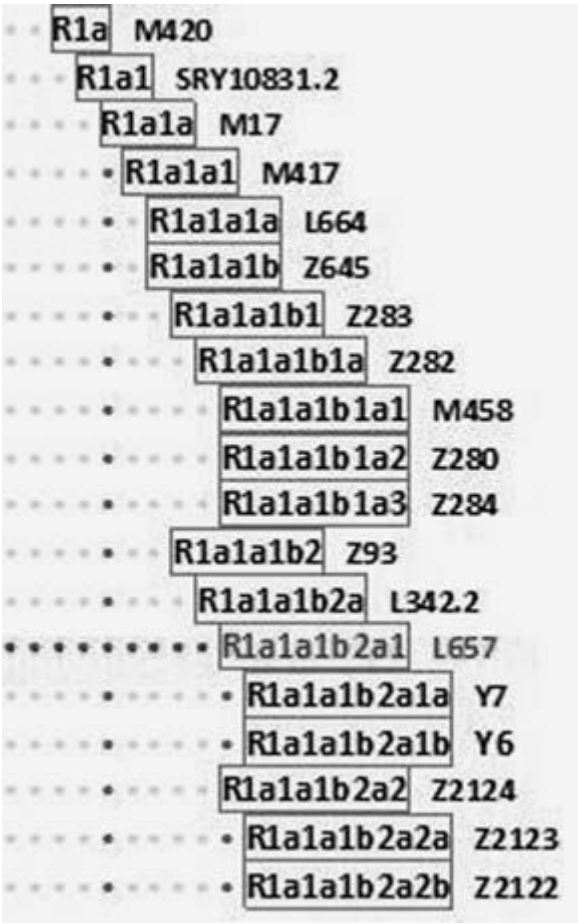
А что до того, что археологи не смогли найти в костных останках ариев, прибывших в Индию во II тыс. до н. э., точнее, так интерпретируют свои данные, то есть хорошее правило – «отсутствие доказательств не есть доказательство отсутствия». Еще один совет Семененко – не переписывать тупо то, что написали другие, а заняться делом самому: поднять первичные данные археологов (а не их мнения), и внимательно пересмотреть их под углом того, что арии в Индию приходили, во II тыс. до н. э., как и свидетельствует ДНК-генеалогия. Конечно, картина могла быть более сложной, поскольку ДНК-генеалогия пока рассматривает ДНК ныне живущих индийцев, и «индоевропейские» индийцы (их так и классифицируют в Индии) гаплогруппы R1a в своем большинстве имеют общих предков – по разным сериям гаплотипов – живших между 4000 и 3500 лет назад. 4000 лет назад – это, похоже, еще не Индия, а Русская равнина, Средняя Азия или Южный Урал, в общем, северные территории.

Дальше читать его сочинения расхотелось по причине откровенной некомпетентности

А. Семененко, но я сделал усилие и открыл следующее, под малообещающим названием «Вклад антропологии и генетики в решение индоарийской проблемы», опять региональная научная конференция. Малообещающее – потому что если вклад есть, то так и надо статью назвать, по конкретному вкладу. А статьи под названиями типа «Вклад…» или «К вопросу о…» читать как-то не хочется. Ясно, что там мало что есть. Так в данном случае и оказалось. Статья – просто кошмар. Во-первых, вся подчистую переписана из статей популяционных генетиков, причем именно тех, кто применяли ту самую печально известную «популяционную скорость Животовского». Во-вторых, как следствие во-первых, в статью Семененко аккуратно перенес все те чудовищные ошибки попгенетиков, а именно завышения датировок прихода гаплогруппы R1a в Индию на 250–350 %. Отсюда у Семененко и оказался в статье просто кошмар. Безграмотный анализ попгенетиками картины и хронологии мутаций в ДНК, и безграмотное перенесение всего этого Семененко в свою статью дало очередной мусор. Слава Богу, дальше Воронежа, видимо, это не пошло.

Итак, что у него (точнее, у попгенетиков, с которых он срисовал ошибочные данные и ошибочные трактовки) получилось? А получились сапоги всмятку. Если цитировать этот «кошмар», то нужно всю статью цитировать, от начала до конца. Поскольку датировки по Индии были завышены в несколько раз, то якобы получилось, что датировки тех, чьи предки жили 3500–4000 лет назад, уехали в глубь времен до… В общем, предоставим слово Семененко, который любит писать заумно: «*Эпоха аккумулированной микросопутствующей вариативности в большинстве индийских гаплогрупп превышает 10000-15000 лет, что соответствовало древности региональной диференциации».* Вспоминается – «Аркадий, не говори красиво». А поскольку попгенетики завысили датировки гаплогруппы R1a по Индии (от 35004000 лет до 10000-15000 лет, то есть, как обычно, на 250–400 %), а по Европе не считали, и взяли обычные 4500–5000 лет, то, как старательно цитирует Семененко, *«оказалось, что индийцы отражают более высокое разнообразие в гаплогруппе R1a1 даже при сопоставлении с южно– и восточно-европейским населением»* («разнообразие» – это эвфемизм попгенетиков, когда они датировки рассчитать не умеют, но сказать хочется). Отсюда, естественно, следующий безграмотный вывод – *«Неизбежным становился вывод о том, что индоевропейцы возникли в Индии и оттуда распространились в Европу»* (ссылка на попгенетиков, фамилии те же, что были упомянуты выше, в данном случае эстонец Кивисилд с коллегами, 2002–2003 гг.). Эстонская «школа» попгенетиков – еще та, видимо, выход из СССР им на пользу не пошел. Зря выходили. Во всяком случае, в отношении датировок и последующих безумных трактовок исторических событий. Да и вообще, эстонская наука никогда не блистала, а сейчас хоть эстонских попгенетических святых выноси.

Для полноты дискуссии следует отметить, что европейские R1a на много уровней субкладов древнее «индоевропейских» субкладов R1a в Индии. Вот – сокращенная схема:



Индийские характерные «индоевропейские» субклады, потомки арийских, начинаются только с уровня R1a-L657. Они – «внуки» европейского субклада R1a-Z93, который образовался в Европе примерно 5000 лет назад; его ближайший потомок, L342.2 – примерно 4800 лет назад; «внук», L657 – тогда же, примерно 4800 лет назад. Из него никак не могли произойти все те европейские (и, возможно, азиатские) субклады, которые находятся выше линии L657. Так что преобладающий в Индии субклад L657 никак не мог породить европейские R1a линии. Попгенетики, которых обильно цитирует Семененко, этого не знали, с датировками чудовищно ошиблись, но в глазах Семененко – они – представители *«международных коллективов профессиональных генетиков, опубликованные в ведущих международных научных журналах по генетике».* Вот так некомпетентность и слепая вера в «авторитеты», которая в науке совершенно неуместна, приводит к серьезным конфузам.

В связи с этим забавно читать у Семененко, что *«генетики использовали высокоточные данные… по 10 микромаркерам».*

Для начала, микромаркеров не бывает. Маркер – он и в Индии маркер. Генетики используют порой термин «микросателлиты», здесь Семененко в порыве рвения копирования у генетиков перестарался. Но занятно здесь понятие «высокоточные», в применении к 10-маркерным гаплотипам. Не случайно Семененко так и не ответил на вопрос читателя «Насколько точны данные ДНК-генеалогии?» В этом он, ясно, тоже не разбирается.

Далее, это в далеких 2002–2003 гг. характеристика гаплогруппы R1a ограничивалась снипом R1a-M17, что и цитирует Семененко. Сейчас мы уже знаем об этой гаплогруппе в Индии и вокруг значительно больше, оперируем субкладами Z93, L342.2/Z94, L657, Z2124, Z2123, Z2122 и другими, в целом, знаем времена их возникновения и направления миграций. Знаем, что в отдаленных провинциях в Индии, в племенах (которые в касты не входят), возможно, живут носители более древних ветвей гаплогруппы R1a, но это не индоевропейские группы, и они пришли, видимо, с востока, возможно, из Алтайского региона более 12–15 тысяч лет назад. Но указанные попгенетики с этими гаплотипами не

работали, у них бы получились датировки более 40 тысяч лет назад. Они, эти древние «автохтоны», из Индии в последние 10 тыс. лет никуда не выходили. Этим вопросом нужно специально заниматься, но данных по ним очень мало, субклады неизвестны. Они, эти люди индийских джунглей, свои образцы ДНК в американские лаборатории с приложением 200 долларов не высылают. Да сейчас разговор и не о них.

Не понимая сути ДНК-генеалогии, смешав все и вся в отношении датировок, гаплотипов и древних миграций, Семененко пишет свою статью как плохой анекдот. То, что носители гаплогруппы I не ушли с ариями в Индию он тоже засчитывает в то, что арии в Индию не приходили. Иначе, по его мнению (!), обязаны были прийти, ведь *«предполагаемый возраст гаплогруппы I – 22000 лет, этого возраста достаточно для экспансии, и она также намного чаще встречается в Европе по сравнению с гаплогруппой R1a1».* Здесь все перепутано, не понято и искажено. Дело в том, что древняя гаплогруппа I практически исчезла в Европе, видимо, в IV–III тыс. до н. э., и возродилась (из немногих выживших потомков) только примерно 3600 лет назад в виде гаплогруппы I1, и примерно 2300 лет назад в виде гаплогруппы I2 на Дунае. Они просто не могли уйти с ариями 4500 лет назад, они, эти гаплогруппы, мучительно выживали в те времена, с их носителями в минимальных количествах. Так что никакой экспансии не было до конца прошлой эры, когда гаплогруппа I2 размножилась на Балканах, и это только там их численность сейчас превышает (и то не везде) численность гаплогруппы R1a.

Да и вообще, странно считать, что все гаплогруппы, возраст которых 22000 лет, или больше или меньше, должны непременно были уйти в Индию? Гаплогруппа I и в Америку не ушла, и в Австралию, и в Китае ее нет, и в Японии, что теперь делать будем?

И вот такими пассажами заполнена статья Семененко. Там же – подобные рассуждения про гаплогруппу «N3», чей индекс давно устарел. Семененко, переняв у попгенетиков манеру рассматривать современные «частоты» гаплогрупп и автоматически перенося их на тысячелетия назад, опять создает совершенно искаженную картину их взаимоотношений с ариями, рассматривая свои (неверные) представления о «миграциях R1a1 с востока на Балканы» в арийские времена. Опять он, Семененко, пространно цитирует статью Underhill et al. (2010)[240], в которой опять использовали «популяционные скорости мутаций» Животовского, и получили, разумеется, датировки в мезолите, когда там на самом деле времена 3500–4000 лет назад. В итоге, окончательно запутавшись, Семененко провозглашает, что данные попгенетиков (в его пересказе) «исключают Европу из списка прародины индоариев», и что их «миграции начались не в Европе». Здесь можно было бы начать обсуждение, что такое «прародина» в данном контексте, и что такое «миграции начались», но, конечно, не с Семененко, при его фантастической некомпетентности в данном вопросе. Понятно, что он хочет сказать, и на чем основано это его хотение, но это продолжения дискуссии не стоит.

И опять про меня:

>И при этом он сам заявляет, что R1a зародилась в Китае, потом проникла оттуда в Южную Азию, потом исчезла оттуда и вернулась снова в соответствии с канонами инвазионизма/иммиграционизма во II тыс. до н. э. Так что это явный бред с подтасовкой «фактов».

Опять искажения. Во-первых, не «зародилась в Китае», Китая тогда не было. Не

---

240 Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C.-E.T, Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Järve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A, Mehdi S.Q., Sanghamitra S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Dubravka Havas A., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human Genetics, 18, 479–484.

зародилась, а обнаружена на севере современного Китая в количествах до 30 % от нескольких этнических групп. Туда она, скорее всего, попала из алтайского региона, из Южной Сибири. И ничего удивительного в этом уже нет, как это представлялось ранее, так как именно в Сибири недавно найдены ископаемые гаплогруппы K и R. Гаплогруппа R мигрировала (в своей части) в Европу в виде дочерних гаплогрупп R1a и R1b, гаплогруппа R1b так в Европе и осталась с начала III тыс. до н. э., то есть со времени образования культуры колоколовидных кубков примерно 4800 лет назад, а гаплогруппа R1a, будучи, видимо, вытесненной из Европы (как и многие другие гаплогруппы), перешла на Русскую равнину и разошлась по разным направлениям как исторические арии – на юг, в Месопотамию и Митанни, и далее в Ирак, Саудовскую Аравию и страны Персидского залива; на юго-восток, в Среднюю Азию и далее на Иранское плато; на восток и затем на юг, в Индию; и далее на восток, в Зауралье, в скифский круг археологических культур. Никакой «подтасовки фактов» здесь нет и близко. Датировка ископаемой R1a на территории современной Германии (Эулау) – 4600 лет назад, датировка R1a в Зауралье, андроновская культура, 3800–3400 лет назад. При чем здесь «инвазионизм», который у Семененко исполняет роль жупела? А далее на Алтае – пазырыкская культура, скифский круг, опять R1a, датировка – начало I тыс. до н. э., и далее, вплоть до начала нашей эры. Можно поподробнее про «подтасовку фактов»?

Остальные его опусы я уже не читал. Нет смысла.

Думаю, подобный «разбор полетов» полезен для тех, кто хочет лучше разобраться в ДНК-генеалогии, кто хочет понять воистину пагубную роль «популяционной генетики» в отравлении мозгов, как оказались отравлены мозги Семененко (не буду иронизировать глубже), который без критического анализа бросился с объятиями к популяционной генетике и ее принципиально искаженными подходами и соответствующими выводами. Что касается персональных выпадов в мой адрес – мне они, по сути, безразличны. Я их использую для преподавания подходов и принципов ДНК-генеалогии, для изучения все увеличивающейся роли ДНК-генеалогии в исторических науках и языкознании. Но интересная закономерность – как только я рассматриваю подобную «критику» – тут же вылезает впечатляющая некомпетентность «критиков», их неспособность мыслить и сопоставлять факты, наблюдения, интерпретации, закономерности. И при этом – неуемное желание вылезти на публику и обнародовать их «критику». Заметьте – не попытаться вынести что-то для себя полезное, нет, а именно отвергнуть, не пытаясь вдуматься. Здесь определенно есть что-то системное. Но это вопрос уже к психиатрам, не ко мне.

Ответ профессору Л.А. Животовскому

Предисловие

Вскоре после завершения Конференции по карачаево-балкарцам в РАН в ноябре 2014 года, в сети появилась поддельная резолюция Конференции, изготовленная Е. Балановской, зав. Лабораторией Академии медицинских наук. «Резолюция» была изготовлена неряшливо, с заметными вставками, набранными другим шрифтом и с другими межстрочными интервалами. Резолюция сначала появилась на сайте лаборатории Балановской, и немедленно была передана в Википедию, где поначалу опубликована на «моей» страничке. Но фальшивка была распознана, и из Википедии снята редакторами в преддверии скандала, когда в сети был размещен ролик с зачитыванием Резолюции, в котором не было негативного абзаца о ДНК-генеалогии, который присутствует в поддельной «резолюции» Балановской. Суть поддельной вставки – в якобы осуждении ДНК-генеалогии конференцией РАН.Напомню, что никакого «осуждения» не было и близко, напротив, Балановские, мать и дитя, были изгнаны с заседания Конференции, а в доклады Боринской и Балановской был вынужден вмешаться ведущий заседания, сделав замечания, что они говорят не по теме, а пытаются свести некие счеты.

Вскоре я получил проект этой Резолюции для обсуждения, куда был вставлен тот

самый неряшливый абзац (или абзацы). Поразительно, но фальшивку мне прислала сама «поддельщица» Балановская, с просьбой с «резолюцией» согласиться. Видимо, это требовалось некими процессуальными требованиями РАН. К тому времени Балановская продолжала тиражировать фальшивку в сети. Ниже – ответ в Оргкомитет, с копией Животовскому и Балановской.

* * *

Уважаемые коллеги,

Я крайне возмущен попытками протолкнуть Резолюцию Конференции с искаженными и некорректными формулировками, и тем, что параллельно и сопряженно в СМИ направляются лживые статьи о «провале ДНК-генеалогии в РАН». Это – далеко от научной этики и должно получить соответствующую оценку как в РАН, так и в других учреждениях.

В прилагаемом проекте я сделал ряд исправлений и предложений. Прошу разобраться и дать ответ по существу.

Всего хорошего.

Анатолий А. Клёсов

(Примечание: я вычеркнул из текста Резолюции негативный абзац про ДНК-генеалогию, и вставил ДНК-генеалогию по тексту в соответствующие места).

К Резолюции я приложил Комментарий, привожу его дословно.

Комментарий (А.А. Клёсов). Предпоследний абзац содержит грубые искажения положений ДНК-генеалогии. В ДНК-генеалогии нет «прикрепления» этнических названий к гаплогруппам и субкладам. Например, в докладе А.А. Клёсова речь шла об карачаево-балкарцах (как этносе), состоящем из трех основных гаплогрупп (R1a, G2a и J2, и ряда минорных (по относительному количеству его носителей в составе карачаево-балкарцев). Где здесь «прикрепление» гаплогруппы к этносу?

То же самое и об археологических культурах. Никакого «прикрепления» гаплогрупп к культурам нет. Есть корректное изложение экспериментальных данных. Например, до настоящего времени в андроновской культуре выявлены 10 ископаемых ДНК (Y-хромосомы), из которых 9 гаплогруппы R1a и одна C. В тагарской культуре – пока выявлены только гаплогруппы R1a, в таштыкской – пока только гаплогруппы R1a, в таримском бассейне – только гаплогруппы R1a. В круге древних шведских ископаемых гаплотипов (7000 лет назад) – пока только гаплогруппа I (несколько субкладов). Но даже это не дает никакого основания «прикреплять» гаплогруппы к культурам, древним популяциям (об «этносе» там вообще говорить некорректно).

Поэтому скороспелые высказывания в проекте Резолюции некоторых специалистов отражает либо их непонимание вопроса, либо умышленное искажение фактов.

То, что *«понятийно-расчетный аппарат ДНК-генеалогии научно необоснован»* – это возмутительное и невежественное высказывание. Опять, либо это крайняя невежественность, либо злой умысел. Понятийный и расчетный аппарат ДНК-генеалогии многократно описан, и никаких возражений в научной печати никогда не вызывал. Нет НИ ОДНОЙ статьи, в которой был бы проведен анализ понятийного и расчетного аппарата ДНК-генеалогии популяционными генетиками (или другими специалистами) и сделаны критические выводы. Есть всего одна статья, которая явилась вялым ответом на разгромную критику А.А. Клёсовым понятийно-расчетного аппарата популяционной генетики, причем разгрома на 6 страницах журнального текста и иллюстраций – в журнале Human Genetics (2009)[241].

[241] Klyosov, A.A. (2009) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and

Ответом были общие слова, сводящиеся к тому, что «это представляет интерес, но нужно отнестись с осторожностью». С тех пор никакой критики не было, да и тот ответ критикой не являлся. Не было проведено никакого анализа расчетов.

О какой «апробации» со стороны популяционных генетиков может идти речь, когда с 2009 года, после критики со стороны А.А. Клёсова, с их стороны было полное молчание. В то же время в журналах J. Gen. Geneal., Human Genetics, Биохимия, Advances in Anthropology, Eur. J. Human Genetics, Frontiers in Genetics было опубликовано не менее 20 научных статей с демонстрацией корректности подходов ДНК-генеалогии. В последней статье (2014 г.) проведена апробация методов расчета популяционными генетиками (Италия), и получено утверждение. Если есть желание это изучить – надо изучать, причем именно суть подходов, а не манипулировать словами об «индексировании» журналов. Наукой надо заниматься, а не словесной акробатикой. Я могу привести массу примеров, когда популяционные генетики в «индексированных журналах» публиковали неверные положения, искаженные расчеты, неверные выводы.

Слова о *«выведении за рамки академических наук»* отражают вопиющую некомпетентность автора (авторов) подобной формулировки, и полное отсутствие желания (или способности) разобраться в этом вопросе. Метод апробирован (и результаты опубликованы) на тысячах протяженных гаплотипов разных гаплогрупп, на множестве документальных генеалогий, проведена его перекрестная калибровка, а некомпетентные «специалисты» как мантру повторяют слова «о выведение за рамки».

В такой ситуации считаю необходимым включить в Резолюцию предложение о проведении публичной академической дискуссии о сопоставлении подходов ДНК-генеалогии и популяционной генетики в отношении расчетного аппарата для определения времен жизни общих предков рассматриваемых популяций (Y-хромосома) в диапазоне от сотен лет до сотен тысяч лет. Корректность подходов надо изучать и обсуждать в научных дискуссиях, а не направлением лживых пасквилей в СМИ. Рекомендую также предложить проф. Л.А. Животовскому и проф. А.А. Клёсову написать совместную научную статью по сопоставлению расчетных аппаратов популяционной генетики и ДНК-генеалогии, и включить это предложение в текст Резолюции. Могу добавить, что в ходе Конференции идея о написании такой совместной статьи обсуждалась Л.А. Животовским и А.А. Клёсовым, и встретила взаимное понимание. Вот так надо решать спорные вопросы, а не проталкиванием резолюции с искаженными положениями. Я категорически протестую против включения инсинуаций о ДНК-генеалогии в текст Резолюции.

Настаиваю на рассылке этого комментария всем модераторам Круглого стола для обсуждения, с предоставлением информации по ходу обсуждения. Протестую против принятия Резолюции за спиной докладчика по ДНК-генеалогии. В противном случая вынужден буду обратиться в Президиум РАН с изложением существа дела. В ближайшее время я подготовлю развернутую статью по обсуждению докладов популяционных генетиков на Конференции и с изложением конкретных данных по происхождению карачаево-балкарцев и осетин, с сопровождением изложения понятийно-расчетного аппарата ДНК-генеалогии и популяционной генетики по представленным на конференции данным (в частности, в докладах Е. и О. Балановских). Эту статью и копию этого письма представлю в Президиум РАН, если Резолюция в варианте, полученном мной (см. выше) будет опубликована без предложенных мной изменений и дополнений.

Продолжение

В продолжение моего обращения в Оргкомитет привожу свой ответ профессору Л.А. Животовскому, который не является приватным, а разослан членам Оргкомитета. Л.А. Животовский оперативно откликнулся на мое обращение, написать совместную статью отказался, и сделал некоторые замечания, выделенные ниже жирным шрифтом. Я, наверное,

---

unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, 126, 719-724

не имею права привести его письмо полностью, хотя это не приватное письмо, и тоже разослано членам Оргкомитета, но свое письмо привести имею полное право.

Считаю, что широкое обсуждение ситуации будет полезным как контрмера на закулисные грязные игры в РАН и РАМН с подделками документов проф. Балановской и рассылке пасквилей в СМИ. Пусть ситуация будет прозрачной. Это нужно для оздоровления науки. Пусть РАН и РАМН принимают свои меры, но я бы приветствовал увольнение Е. Балановской и О. Балановского из институтов РАМН и РАН, соответственно. Пусть другим клеветникам будет наука.

Итак, копия моего открытого письма, разосланного членам Оргкомитета.

Уважаемый Лев Анатольевич,

1. О написании совместной статьи.

Если Вы не согласны написать совместную статью, то ясно, что ни я, и никто другой не сможет Вас заставить это сделать. Тогда это сделаю я сам, а именно, напишу такую статью, часть которой будет написана «от Вашего имени», то есть в виде цитат из Ваших статей с моими комментариями, конкретными иллюстрациями в виде диаграмм, рисунков и расчетов из Ваших статей опять же с моими пересчетами и комментариями, и с изложением основных положений и понятийного аппарата ДНК-генеалогии с иллюстрациями и расчетами. Полагаю, что такое обсуждение положит конец недоразумению и инсинуациям в адрес ДНК-генеалогии и меня лично. Эта же статья будет разослана в Президиум РАН и по отделениям Академии, имеющим отношение к данному вопросу. Грязная лживая кампания, которая готовилась к Конференции и реализованная на Конференции и в СМИ должна получить свою оценку, как по сути, так и по персоналиям, активно в нее вовлеченным.

Примечание: Более сильное решение – написать не статью, а книгу. Эта книга – перед вами, читатели. Она же будет направлена в указанные выше организации.

Думаю, у меня будут все основания квалифицировать расчетный аппарат популяционной генетики в отношении хронологии популяций как псевдонаучный. Это говорит профессиональный специалист по расчетам констант скоростей и скоростям химических и биологических реакций, ученик школы Н.Н. Семенова, автор учебников для Высшей школы и получивший Государственную премию СССР именно и в частности за подобные исследования по скоростям химических и биологических реакций.

2. «у меня есть два момента по отношению к Вашему подходу, которые не могу принять:

1) отождествление гаплогруппы с народом (как, например, R1a1)».

Я объяснил Вам в нашей с Вами довольно продолжительной дискуссии (и Вы, насколько понимаю, согласились), что Ваше замечание – продукт недоразумения. Нигде и никогда я не отождествлял гаплогруппу с народом, в том числе R1a1 (кстати, устаревшая номенклатура; сейчас R1a1– SRY10831.2 охватывает практически все народы мира в отношении носителей их R1a). Я всегда подчеркивал, что в составе этнических русских представлены четыре основных гаплогруппы и по меньшей мере десяток минорных (по численности). Не конкретизируете ли Ваше сообщение, с каким народом я отождествлял гаплогруппу R1a1, или любую другую? Удивительно, что буквально все «моменты», как Вы выразились, базируются на игре в «испорченный телефон». Кто-то не понял или домыслил, и остальные (включая Вас) повторяют, не затрудняя себя вчитаться и вдуматься.

3. «и 2) метод датировки без учёта эволюционной динамики гаплогруппы».

Это – очередное недоразумение, но другого порядка. Как специалист в области скоростей реакций, считаю расчеты с «учетом эволюционной динамики гаплогруппы» глубоко ошибочными в подавляющем большинстве случаев (на самом деле – во всех случаях), и многократно объяснял это в научной печати. Это – результат примитивных и необоснованных приближений, не работающих в реальных случаях. Я объяснил Вам это в

ходе нашей с Вами дискуссии на Конференции. Вы ответили, что в статье 2006 года Вы внесли в свой «метод» некоторые «ограничения», но я ответил, что они не возымели никакого эффекта.

На самом деле «эволюционная динамика гаплогруппы» в Вашем изложении – это некий волапюк, словоблудие, сотрясение воздуха, не вносящее ничего информативного. Когда мы рассчитываем временное расстояние до общего предка на основании серии гаплотипов наших современников, относящихся к одной ветви на дереве гаплотипов, мы получаем, что он жил, например, 1000 лет назад. Когда мы сравниваем разные ветви того же дерева гаплотипов, то получаем, что общий предок нескольких ветвей жил, например, 2000 лет назад. Когда мы находим время жизни общего предка всех ветвей дерева гаплотипов, то оно оказывается, например, 5000 лет назад. Когда мы рассчитываем время жизни общего предка всего дерева (то есть время образования всей гаплогруппы) по снипам, то получаем, например, 20 тысяч лет назад. Это и есть показатели «эволюционной динамики гаплогруппы», только полученные не примитивными подходами попгенетиков, созданными, кстати, с Вашим участием, а более корректные и информативные. Но в ДНК-генеалогии нет нужды называть это «эволюционой динамикой гаплогруппы», как нет нужды называть таблицу умножения «таблицей множителей и их произведений в отдельных ячейках». И то, что Вы по каким-то странным причинам считаете, что в ДНК-генеалогии эти показатели, а именно времена до общих предков одной ветви, совокупности ветвей, всего дерева, мы не учитываем, то это означает, что Вы просто не имеете понятия о расчетном аппарате ДНК-генеалогии.

Популяционные генетики продолжают некритично использовать Ваш метод, хотя некоторые уже начинают понимать его ошибочность, и проводят расчеты уже двумя методами – как Вашим (константа скорости 0.00069 мутаций на маркер на 25 лет), так и (приближенным, недостаточно корректным) «генеалогическим» (константа скорости 0.002 мутации на маркер на неопределенное «поколение»), и уже после этого размышляют, какой из двух методов им больше подходит. Как специалист по скоростям реакций, сообщаю, что оба подходят плохо, но в разной степени. Если первый обычно дает ошибку в районе 200–350 % (в сторону завышения датировок), то второй обычно ошибается на 20–70 % (но может исключительно случайно и непредсказуемо угадать). Наукой это считаться не может, поэтому первый метод откровенно псевдонаучный, второй – обыкновенно ошибочный, не принимает в расчет возвратные мутации, часто занижающий результаты расчетов на 150–300 %, не дифференцирующий расчеты по гаплотипам разной протяженности, и использующий плавающее понятие «поколения», которое в годах в этом контексте не выражается, может быть от 16 до 35 лет для разных ситуаций. Это войдет важной частью в статью, принцип которой я описал выше.

Принимать в этих расчетах «размер популяции» – опять псевдонаучное положение. Я это объяснил Вам в дискуссии на примере кинетики радиоактивного распада, когда ошибочно включают в расчет времени полураспада (и константы скорости полураспада) размер или вес образца. Это и есть аналогия «размера популяции» при расчете (или применении) константы скорости мутации. Это и есть псевдонаука, которая рядится в одежды «науки».

4. в статье 2006 г. (и сказал об этом в докладе), где была исследована стохастическая динамика гаплогруппы с момента её возникновения и соответствующая динамика эффективных темпов мутирования.

Это опять общие сотрясения воздуха. Нет «соответствующей динамики эффективных темпов мутирования». Это напоминает «осетрину второй свежести». Есть константы скоростей мутирования отдельных, индивидуальных маркеров, и есть кумулятивные, суммарные константы скоростей мутирования комбинаций маркеров. Если Вы называете «темпами мутирования» константы скоростей мутирования, то Вы вводите некие примитивные, лишние сущности.

Возможно, для каких-то специальных (и узких) случаев это и может быть полезным (но для этого надо снять лишние сущности), но не для расчетов, которые продолжают приводить в своих публикациях популяционные генетики, расчетов, которые дают ошибки на 200–350 % (в сторону завышения) и генерируют фактически мусор в публикациях в ведущих изданиях мира по генетике человека. Я могу привести массу примеров, и приводил их в главе 16 книги «Происхождение славян», обложку которой Вы показывали в своем докладе на карачаево-балкарской конференции. К сожалению, показав обложку книги, Вы этим и ограничились, ни один конкретный пример не рассмотрели. Моя академическая школа требует при критике рассматривать конкретные примеры и пояснять, как нужно считать и что это дает для решения вопроса, и почему мои расчеты (могут быть) неверны. НИ ОДНОГО случая таких разборов со стороны популяционных генетиков я не встречал. Все ограничивается голословными (и искаженными) утверждениями и инсинуациями.

5. В нашем разговоре я предложил Вам исследовать подобную динамику Вашей статистики датирования и посмотреть как она себя ведёт в чреде поколений. Думаю, что такое моделирование многое прояснит.

Опять, нет никакой «динамики статистики датирования», как самой по себе, так и «в чреде поколений». Это опять некие витиеватые выражения, смысла в которых нет без примеров и иллюстраций, что Вы имеете в виду. Датирование методами ДНК-генеалогии подробно разобрано во многих моих (и И.Л. Рожанского) научных публикациях, а также в книге «Арийские народы на просторах Евразии», которая по официальным сведениям уже идет в списке бестселлеров (данные и ссылки могу представить). Анализ был проведен на тысячах гаплотипов многих гаплогрупп (Advances in Anthropology, 2011), и показал хорошее совпадение с документальными генеалогическими и историческими данными. Никаких вязких соображений по размеру популяции для этого не требовалось, см. пример выше про динамику радиоактивного распада.

6. Выводы.

Должен отметить, что ДНК-генеалогия, как наука, не ассоциирующаяся с популяционной генетикой и имеющая принципиально отличную методологию (начиная с того, что это не генетика, и не использует методологию генетики, а именно методология, а не объект исследований, определяет науку – если не понятно, могу объяснить), так вот, ДНК-генеалогия имеет свой понятийный аппарат, свою терминологию и свои расчеты, которые Е. Балановская в интервью назвала «непонятными». Если непонятными, то не стоит и комментировать, учиться надо. У популяционной генетики нет иного выхода, как переходить на подходы и расчеты ДНК-генеалогии. Могу в этом помочь.

Прихожу к выводу, что ДНК-генеалогия кому-то (знаю, кому) сильно мешает, и знаю, почему. Это я и объясню в кнгиге, которую сейчас готовлю. Я полагал, что совместная статья могла бы смягчить выводы, но Ваш отказ позволяет мне выводы не смягчать.

Повторяю, что в представленном виде Резолюция искажает результаты Конференции и ее Круглого стола. Она не может в таком виде быть принята.

А. А. Клёсов

Коллизия популяционной генетики и ДНК-генеалогии (часть 1)

Рождение ДНК-генеалогии в 2008 году и последующее развитие событий с неизбежностью показывало, что коллизия с популяционной генетикой, или попгенетикой, как я буду далее называть для краткости, неизбежна. На самом деле не с «попгенетикой», конечно, а с ее руководителями и исполнителями. **Популяционная генетика человека** уже давно, собственно, с 1990-х годов, фактически превратилась в имитацию науки, особенно, в отношении ее расчетного аппарата и соответствующих экскурсов в историю в виде

«интерпретаций».

У попгенетиков со временем развилось ощущение безнаказанности в отношении того, что чтобы бы они ни написали, какую бы цифру ни вбросили в академические публикации, какую «теорию» как якобы проверенную и подтвержденную ни опубликовали, никто не будет ни проверять, ни подвергать сомнению, все это пойдет в печать. Ситуация усугубилась после 2004 года, когда в попгенетике появился так называемый «метод Животовского», оперирующий некими «популяционными скоростями», в корне неверными, и приводящими к завышениям датировок древних событий на 250–350 % и выше. Метод был провозглашен как «откалиброванный» по древним генеалогиям, но первое же рассмотрение показало, что за «калибровку» выдавалась откровенная подгонка, манипуляция данными, подтасовки цифр. За прошедшие с тех пор десять лет академические журналы в области попгенетики человека оказались наводнены фактически мусором, не выдерживающим никакой критики.

Начиная с 2008 года, ДНК-генеалогия, базирующаяся на принципах физической химии и химической кинетики, то есть науки о скоростях и механизмах химических и биологических реакций, систематически занялась выявлением наиболее значимых ошибок, подтасовок, манипуляций, искаженных датировок и соответствующих исторических «интерпретаций» попгенетиками. Этому были посвящены многочисленные публикации в научных журналах, неподконтрольных попгенетикам. Попытки публиковать дискуссионные статьи в «подконтрольных» журналах немедленно пресекались без каких-либо попыток научного разбора, мотиваций, объяснений. В недавней книге «Происхождение славян» (А.А. Клёсов, Москва, 2013) целая глава объемом более 100 страниц под названием «Берегитесь популяционных генетиков в исторических «исследованиях»» (глава 16) была посвящена этой теме, с многочисленными примерами. Ни одного комментария в научной печати, ни одной попытки ответить на вызов ДНК-генеалогии сделано не было с 2009 года, когда на мой разгромный комментарий на 6 журнальных страницах в одном из ведущих журналов мира Human Genetics в отношении ведущих попгенетиков мира и их дефектной методологии они ответили вялым, пассивным комментарием. Он сводился к тому, что их «откалиброванная» методология опубликована и активно используется в популяционной генетике, «пройдя проверку», и что подход ДНК-генеалогии «очень интересен», но к нему «следует относиться с осторожностью». С тех пор, за прошедшие пять лет, никаких других рассмотрений критики ДНК-генеалогии не было. Видимо, попгенетики полагали, что «само рассосется». Не рассосалось.

Игнорировать критику дальше попгенетики не могли, разобраться в своих принципиальных ошибках не смогли или не захотели, на контакты не шли, более того, контакты отвергали. Для них оставалось только ответить агрессией, огульными обвинениями, инсинуациями, без каких-либо попыток разобраться в вопросе. Эта агрессия свершилась в конце ноября 2014 года **на конференции «Этногенез, история, язык и культура карачаево-балкарского народа»,** проводимой в РАН, на Ленинском проспекте в Москве. Это была скоординированная акция, для которой все средства были хороши. В конференции принимали участие два попгенетика из РАН, и два – из РАМН, и все четверо вместо докладов по тематике Конференции сделали доклады персональной направленности, полностью направленные на дискредитацию нового научного направления и меня лично – с показом моих портретов (Боринская, Балановская, Балановский) и выдачей персональных негативных комментариев, заполнявших многочисленные слайды. Ни один из них не касался собственно науки, вместо этого передергивали цитаты из моих научных и популярных докладов, не имеющих отношения к ДНК-генеалогии и вообще ни к какой науке, вытаскивали (смехотворный) «компромат» на издательство, опубликовавшее мою книгу, приводили не мои цитаты, выдавая их за якобы мои.

В итоге, после попытки откровенной обструкции и срыва моей лекции, на которую собрались участники конференции, мать и сына Балановских удалили со сцены и изгнали из зала заседаний под одобрительные возгласы аудитории. Больше они на конференции не появлялись. Но в тот же вечер в СМИ появились лживые статьи, под названиями

«Лжегенетик нахимичил» и «Провал ДНК-генеалогии в РАН». Балановской в тот же день была составлена фальшивая «Резолюция Круглого стола», выставлена на сайте ее лаборатории в РАМН, размещена на «моей» странице в Википедии. Она принципиально отличалась от текста настоящей Резолюции, зачитанной на заключительном пленарном заседании Конференции. Только через 10 дней тот же подметный тест «резолюции» был направлен со стороны Балановской «для согласования» в оргкомитет и докладчикам. Естественно, я категорично возразил против лживых формулировок этой «резолюции». Ответа не последовало ни от Балановской, ни от Оргкомитета. Так что результат проталкивания Балановской фальшивого текста «резолюции» неизвестен.

Чтобы внести ясность в ситуацию и в суть коллизии ДНК-генеалогии и популяционной генетики, я написал настоящую книгу. Изложение сути и расчетного аппарата ДНК-генеалогии приведено в предшествующих главах, не буду повторяться.

Помимо того, что в 2008 году ДНК-генеалогия прошла проверку на реальных (ископаемых) гаплотипах, показав ту же хронологию (см. выше), в том же 2008 году, в июне, вышел первый выпуск Вестника, который позже стал международным. В первом выпуске были две больших статьи – «Основные правила ДНК-генеалогии» (54 страницы) и «Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии» (179 страниц). С тех пор вышло более 70 выпусков Вестника, общим объемом более 15 тысяч страниц, все выпуски в открытом доступе (http://dna-academy.ru/proceedings/).

Со второго выпуска (июль 2008) в разделе «Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии» публикуются ответы на письма читателей из разных стран мира. До сегодняшнего выпуска опубликованы персональные истории в виде ответов на 249 письма читателей, и серия из нескольких десятков персональных интерпретаций, опубликованных на «Переформате» и на сайте Академии ДНК-генепалогии. Авторы Вестника – в основном российские специалисты и любители ДНК-генеалогии, но также специалисты из США, Италии, Франции, Словении, Сербии, Италии, Германии, Бельгии, Шотландии и других стран.

С того же 2008 года опубликованы 25 научных статей по ДНК-генеалогии в академических журналах (в основном на английском языке, одна – в старейшем российском академическом журнале «Биохимия», несколько – в журнале «Исторический формат»), 8 книг по ДНК-генеалогии (7 на русском языке и одна на сербском, в Белграде), и 112 научно-популярных статьи по ДНК-генеалогии, из них 80 статей на Переформате – сайте, который выпускается профессиональными историками. Еще несколько статей на Переформате добавил член Академии ДНК-генеалогии И.Л. Рожанский, выпускник того же Химического факультета МГУ, что и автор настоящей статьи.

Академия ДНК-генеалогии была создана в том же 2008 году, и в июле 2015 года официально зарегистрирована в России. Как известно, Академия – это сообщество научных единомышленников, выпускающих свое печатное издание. Состав членов Академии сейчас расширяется, и два основных требования к членам Академии – знать свои гаплотип и гаплогруппу, и публиковаться в научных изданиях по теме ДНК-генеалогии. Ожидается, что число членов Академии будет расширяться, и, видимо, значительно, вплоть до десятков и сотен человек.

Научные статьи в области ДНК-генеалогии публиковались в журналах Human Genetics (2009), J. Gen. Genealogy (2009), Advances in Anthropology (2011–2014), Биохимия (2011), Eur. J. Human Genetics (2014), Frontiers in Genetics (2014), Исторический Формат (2015). Отметим, что весной 2013 года я был приглашен быть главным редактором журнала Advances in Anthropology (Успехи антропологии)[242], и сделал его профильным журналом по ДНК-генеалогии (наряду, конечно, с публикациями авторов по разным направлениям антропологии).

[242] http://www.scirp.org/journal/aa/

Первой статьей в АА была наша (совместно с И.Л. Рожанским) статья по константам скоростей мутаций в гаплотипах Y-хромосомы и их калибровке, то есть количественной связи с хронологией[243]. Концептуально сделать это было несложно, поскольку кинетика химических и биологических мутаций – моя прямая специальность, я в свое время заканчивал кафедру академика Н.Н. Семенова, единственного лауреата Нобелевской премии среди советских химиков, и написал немало учебников для Высшей школы (в основном издательства Московского университета и издательства «Наука»), часть из них – с моим учителем, деканом Химического факультета МГУ чл. – корр. АН СССР И.В. Березиным. За разработку кинетики химических и биологических реакций я в 1984 году стал лауреатом Государственной премии СССР по науке и технике, а до того – лауреатом премии Ленинского комсомола (1978). Так что концептуально разработать количественную основу ДНК-генеалогии было несложно, но надо было ее верифицировать на тысячах примеров, чтобы она была надежной. Это было сделано с использованием 3160 гаплотипов (2489 из них – в 67-маркерном формате, из 55 ДНК-генеалогических линий из 8 основных гаплогрупп). Эта работа была опубликована в Advances in Anthropology в 2011 году, во втором выпуске журнала после его основания в том же году[244].

Именно за публикацию серии статей, значительно расширивших читательскую аудиторию, я и был приглашен занять пост главного редактора журнала, спустя два года после первых публикаций там. Через несколько лет верификация констант скоростей, уже для каждого из 111 маркеров, была проведена на примере 11850 гаплотипов для 24 гаплогрупп и их ветвей[245].

В последующем в журнале Advances in Anthropology были опубликованы статьи с детальным описанием гаплогруппы R1a в мире, гаплогруппы R1a в Европе (с описанием 38 ветвей гаплогруппы R1a), гаплогруппы R1b, ДНК-генеалогии и лингвистики, ДНК-генеалогии и древней керамике от трипольской культуры до культур Юго-Восточной Азии и обеих Америк, а также четыре статьи об Африке и происхождении человека с точки зрения ДНК-генеалогии (две в 2012 г, и две – в 2014 г, одна из них редакторская). Одна статья из этих четырех установила своеобразный рекорд популярности у читателей журнала[246] – см. рис. 28 выше. Даже сейчас, через три года после ее публикации, ее просматривают около сотни раз в день и «скачивают» более 20 раз в день, если усреднить за последний год. Всего же за три года статья в Advances in Anthroplogy была просмотрена более 90 тысяч раз и «скачана» более 20 тысяч раз.

Полагаю, что описанное выше – это крупный успех нового направления, отражение его признания. Поэтому более чем странно было увидеть резкий «накат» группы популяционных генетиков на ДНК-генеалогию на московской Конференции по карачаево-балкарцам, причем «накат» скоординированный, срежиссированный, заранее подготовленный, со сбором предупрежденных людей по спискам, и далее, когда акция провалилась, началась агрессивная и лживая кампания со стороны тех же популяционных генетиков, ведомых матерью и сыном Балановскими, с выставлением пасквилей в СМИ под заголовками «Провал ДНК-генеалогии в РАН», «Лжегенетик нахимичил» и подобных. С трибуны

---

243 Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26-34

244 Там же.

245 Клёсов, *А.А.,* Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

246 Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the “Out of Africa” theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.

Конференции О. Балановским, зав. лабораторией Ин-та Общей генетики РАН было объявлено, что моя книга «Происхождение славян» (2013) была опубликована издательством («Алгоритм», Москва), которое также якобы публиковало труды Геббельса и Муссолини. Это, видимо, было призвано вызвать возмущение аудитории и намекнуть, что моя книга тоже фашистская. Это что, научная дискуссия? Где научная этика? За это раньше били канделябрами, и отнюдь не иносказательно.

Для справки, Издательство «Алгоритм» – российское книжное издательство, основано в 1996 году, специализируется на выпуске книг острой и актуальной общественно-политической и исторической направленности. Среди авторов опубликованных книг – Сергей Кара-Мурза, Александр Зиновьев, Олег Кашин, Сергей Глазьев, Дмитрий Рогозин, Михаил Делягин, Михаил Ходорковский, Анатолий Лукьянов, и, как сообщает издательство, многих других аналитиков, мыслителей, историков, философов, политологов, социологов, писателей… Издательство регулярно участвует в крупных российских и международных книжных выставках, является лауреатом премий и конкурсов в книгоиздательстве. Да, если издательство и публиковало книги Геббельса или Муссолини, для исторических целей, то при чем здесь другие авторы? Я, например, написал в 2000-х годах ряд аналитических работ о причинах и обстоятельствах прихода Гитлера к власти в 1932–1933 гг., и использовал для них опубликованные в советской печати дневники Геббельса, которые были полны отчаяния от ожидаемого развала коалиции, и готовность покончить жизнь самоубийством – и это в преддверии неожиданной победы Гитлера и его группы на выборах в Рейхстаг. Что здесь неправильного, когда историки используют эти работы?

Это только показывает ущербность О. Балановского и его страстное желание дискредитировать ДНК-генеалогию отнюдь не научными методами. Откуда такое страстное желание проф. О. Балановского, проф. Е. Балановской (лаборатория популяционной генетики РАМН), их коллег биолога С. Боринской (из того же Института общей генетики) и антропологов Д. Пежемского и С. Дробышевского (МГУ) дискредитировать, причем откровенно лживыми методами? Дробышевский, который, по его собственному признанию, в ДНК-генеалогии не разбирается и «генетику» не комментирует, объявил, что это «лженаука». Откуда это?

Об этом – настоящая книга.

Уже в начале зарождения ДНК-генеалогии ее создатели обратили внимание на вопиющую ненаучность подходов популяционной генетики к расчету скоростей мутаций в Y-хромосоме ДНК. Никакого подразделения гаплогрупп на ветви не проводилось, расчеты велись «поперек» ветвей, каждая из которых имеет своего общего предка, и в итоге на свет появлялся некий «фантомный предок» со своей фантомной «хронологией», не имеющей ничего общего с реальностью. «Калибровка» этих подходов была возмутительной, фактически фальсификацией, при которой «мешающие» гаплотипы изымались, вводились некие подгоночные «коэффициенты», и так далее. Получаемый мусор, другого слова не подобрать, наводнял (и продолжает наводнять) академические журналы. Это была трагедия популяционной генетики. Было совершенно ясно, что у них нет никакой научной школы, при которой получаемая чепуха выявляется и останавливается на первом же научном семинаре.

Еще в 2008 году я попытался связаться с популяционными генетиками Л. Животовским и О. Балановским, но ответа не получил. Пришлось открыть критику в научной печати, с конкретными примерами и обоснованиями. Тем временем критика их «методов» нарастала на сетевых форумах, в блогах. Любители понимали в искажениях и ошибках попгенетиков несравненно больше, чем «специалисты». Но «специалистов» это не интересовало, у них были свои дела, куда разбор критики не входил. Они были заняты генерацией мусора в академические издания. Моя критика усилилась, в Вестнике появился раздел «Берегитесь популяционных генетиков» с многочисленными примерами их «мусора». Была подробно разобрана их «калибровка» скоростей мутаций, выявлена их полная ненаучность, с приведением множества примеров полной их некомпетентности в расчетах и исторических интерпретациях. У них был выход в том, чтобы связаться со мной и разобраться, что они

делают не так. Очевидно, что этот научный путь им не подошел. Они решили «пойти свиньей».

На этом пути они буквально оголтело пошли во все тяжкие. Публичная ложь, подделка Резолюции Круглого стола (см. выше). Резолюция конференции была зачитана на общем собрании участников в виде проекта, но уже на следующий день на вебсайте лаборатории Е. Балановской появилась якобы утвержденная и готовая резолюция с лживыми негативными словами про то, что «в *рамках распространяемой в интернете «ДНК-генеалогии» отождествляются принципиально разные этнические и генетические категории, прикрепляются этнические названия к генетическим «родам» и археологическим культурам. Понятийно-расчётный аппарат ДНК-генеалогии научно необоснован, не прошёл научную апробацию в индексируемых научных журналах и основан на смешении популяционно-генетических, генеалогических и историко-культурных понятий. Все эти черты ДНК-генеалогии выводят ее за рамки академических наук и находятся в противоречии с необходимостью корректного подхода, различающего биологические данные о популяции от понятия народа во всей его сложности. Поэтому упоминание ДНК-генеалогии в названии Круглого стола неуместно* ».

Заметьте – «в рамках распространяемой в интернете «ДНК-генеалогии», то есть умышленно делается вид, что публикуемых книг и статей не существует, что не было Круглого стола на Конференции, в названии которого присутствовали слова «ДНК-генеалогия». Далее, что «понятийно-расчетный аппарат ДНК-генеалогии научно необоснован» – что это, как не нахрапистая ложь? «Не прошел научную апробацию», «выводят за рамки академических наук», «находятся в противоречии с необходимостью корректного подхода», и так далее. Ясно, что авторов этой позорной «резолюции» вела ненависть, сжигающая ненависть. И это – Институт общей генетики, который так пострадал во времена Т. Лысенко, а теперь, оказывается, история повторяется. Но уже в виде фарса, как известно.

Но всё, как известно, делается к лучшему. И их истеричный «накат» позволил мне в этой книге последовательно объяснить – не в первый раз, но с учетом «наката» – принципы ДНК-генеалогии, независимость ее от попгенетики, сопоставить понятийные и расчетные аппараты, привести примеры подтасовок, махинаций, некомпетентности попгенетики в исполнении Балановских, и не только их, привести примеры того, как надо рассчитывать хронологию по снип-мутациям и мутациям в гаплотипах, и как складываются интерпретации корректно полученных данных – в рамках ДНК-генеалогии. И, напротив, какой получается мусор в исполнении популяционной генетики. Об этом – настоящая книга.

Популяционная генетика и ДНК-генеалогия как разные области наук: методология ДНК-генеалогии – физическая химия и исторический анализ, результат – «молекулярная история»

Введем некоторые важные понятия и определения. Они уже пояснялись выше в этой книге, но «повторение – мать учения». Во-первых, понятие «ДНК-генеалогия». Это – не генетика, в чем часто путаются даже профессионалы в науке. Генетика человека – это наука, изучающая наследственность и изменчивость признаков, определяющих врожденные особенности человека, и передаваемых, как правило, через гены. Но ДНК только на 2 % состоит из генов, а в Y-хромосоме генов вообще ничтожная доля. Но дело даже не столько в этом. Направления и области науки определяются не объектами исследования, а методологией исследования. Именно методология исследования отличает, например, химию от физики, хотя объекты часто одинаковы. Методология генетики совершенно другая, чем методология ДНК-генеалогии. У них разные задачи исследований. ДНК-генеалогия в своей основе физическая химия, кинетика химических и биологических процессов, по сути задач – историческая наука, она оперирует хронологией, датировками древних событий, и для этого ДНК-генеалогия использует свой расчетный аппарат, которого нет в методологии генетики. ДНК-генеалогия, повторяю, использует и развивает методы физико-химической кинетики в

применении к ДНК, переводит картину мутаций в хронологические, исторические показатели. Это вообще не входит в методологию генетики, у той другой экспериментальный и аппаратурный базис.

Дадим пример принципиального различия ДНК-генеалогии и популяционной генетики. Например, мы проводили анализ бактрийских гаплотипов, предположительно предковых к гаплотипам современных карачаево-балкарцев и осетин. Мы постhоили дерево гаплотипов, разделили его на ветви (точнее, сам вид дерева уже показал четкое разделение на ветви), определили базовый (то есть предполагаемый предковый) гаплотип для каждой ветви, рассчитали времена для общих предков каждой ветви, провели явные параллели с осетинами и карачаево-балкарцами, провели перекрестные расчеты и показали, что они согласуются со временами жизни общих предков бактрийских гаплотипов, как и современных пуштунов Афганистана и Пакистана. Это в свою очередь позволило предложить гипотезу в отношении картины и времен миграций носителей субклада G2a1 из Бактрии на Кавказ.

Посмотрим, что, имея такие же исходные данные, получают из них популяционные генетики. Эти исходные данные (гаплотипы) были опубликованы в статье[247], и, поскольку статья недавняя, она отражает современные подходы популяционной генетики. Какие же они, эти подходы? Какие главные выводы сделали авторы из опубликованного ими материала? Помогает то, что авторы приложили к статье список highlights, то есть главных выводов. Их – пять: (1) авторы определили гаплотипы для 270 человек, (2) «дискриминационная способность» для 230 гаплотипов из всех 270 была равна 85.2 %, (3) три маркера, DYS446, DYS447 and DYS449, были основными в отношении «увеличения дискриминации», (4) доминирующая гаплогруппа среди пакистанских пуштунов была R1a1a, (5) предками пакистанских пуштунов вряд ли были евреи. Всё. Резюме к статье добавляет, что (1) каждый маркер показывает «разнообразие» от 0.2506 до 0.8538, (2) «дискриминационная способность» для 17-маркерных гаплотипов была равна 73.7 %, и при увеличении их длины возросла до 85.2 %, (з) для получения информации о происхождении пуштунов сравнили носителей гаплогрупп G и Q у пуштунов и евреев (ашкенази и сефардов), но еврейского происхождения пуштунов особенно не обнаружили («little support for a Jewish origin could be found»). Все эти «разнообразия маркеров» **считаются без разделения соответствующих гаплотипов на гаплогруппы** , и на круг по выбранным 199 гаплотипам «разнообразие» получилось равно 0.9903, а по 230 гаплотипам оно было равно 0.9968. Ни для чего больше эти цифры в статье не использовались, датировки не считались. Да и не могли считаться, потому что для них все гаплогруппы «сваливались в кучу». Никакого практического, и тем более теоретического смысла все эти арифметические упражнения популяционных генетиков не имели и иметь не могут. Смысл там исключительно описательный, что увидели, то и записали.

В этих примерах – суть подходов и уровня работы популяционных генетиков. Теперь оцените высказывание Е. Балановской с трибуны недавней Конференции, что *«Клёсов эксплуатирует собранную генетиками информацию, обрабатывает её неизвестными методами и получает красивые результаты на потребу публике».* Так если попгенетики беспомощны в корректной и информативной обработке собранных ими гаплотипов, то надо заменить их некомпетентность и неумение на полученные корректными методами «красивые результаты», тут Балановская не ошиблась. А что до «неизвестных методов», то учиться надо. И придется учиться, деваться просто некуда. А уж «на потребу публике» – это ложь Балановской от беспомощности и отчаяния, от своей некомпетентности. Красивые результаты – это правильные результаты, что еще физики давно подметили.

Различия терминов в ДНК-генеалогии и популяционной генетике

247 Lee, E.Y., Shin, K.J., Rakha, A., Sim, J.E., Park, M.J., Kim, N.Y., Yang, W.I., Lee, H.Y. (2014) Analysis of 22 Y chromosomal STR haplotypes and Y haplogroup distribution in Pathans of Pakistan. Forensic Sci. Int. Genet. 11, 111–116.

Поскольку ДНК-генеалогия и популяционная генетика – разные области науки, с разными методологиями, разным характером выводов, разными целями и задачами, разным способом подачи данных, то у них, разумеется, во многом разная терминология. От страстного желания хоть как-то дискредитировать, Балановская объявила с трибуны Конференции, что я путаю термины. Да не путаю я, я просто использую другие термины, термины ДНК-генеалогии, или придаю терминам другие значения, более подходящие в данной конкретной ситуации. Она так и не поняла, что ДНК-генеалогия – другая наука, нежели попгенетика с ее терминами. Например, предковый гаплотип в ДНК-генеалогии называется «базовым», потому что он вычисляется, и нет гарантии, что он действительно предковый. Возможно, отклоняется на одну аллель. Зачем вводить читателей в заблуждение? Термина «базовый гаплотип» в популяционной генетике нет. Нет терминов «линейный метод расчета», нет «квадратичный метод», нет понятия «арии», не используется термин «химическая кинетика», впрочем, и «биологическая кинетика» тоже не используется. Нет понятия «род» в том смысле, который используется в ДНК-генеалогии. Перечислять можно долго.

В ДНК-генеалогии используются поправки на возвратные мутации, которых нет в популяционной генетике. В ДНК-генеалогии есть логарифмический метод, кратко описанный ранее. И он вовсе не «неточный», как безграмотно заявил О. Балановский, в очередной раз показав свою некомпетентность. Неточный этот метод бывает тогда, когда используется неправильно. Неточным будет микроскоп, если его использовать для рассматривания звезд. На то есть телескоп, или хотя бы подзорная труба.

Выше были приведены многие примеры применения логарифмического метода, и с линейным он зачастую расходится всего на 2–3%. А у Балановского этот метод «неточный», «неоптимальный» и вообще плохой. Хотя ни одного (!) примера неточности или неоптимальности Балановский не приводил. Да и привести не мог, как видно, он не понимает, как этот метод применять. И самое забавное – это говорит тот, ошибки у которого в расчетах датировок систематически равны как минимум 250–350 %.

В ДНК-генеалогии используются понятия констант скоростей мутаций, а не просто «скоростей», как в попгенетике. Последнее в данном контексте неверно.

В ДНК-генеалогии нет «эффекта основателя», потому что этот термин излишний, он не нужен при правильной обработке данных. В ДНК-генеалогии арии – это древние носители гаплогруппы R1a, и наоборот, древние носители гаплогруппы R1a – это арии. Хотя бы потому, что носители гаплогруппы R1a составляют до 72 % высших каст Индии[248]. И еще потому, что слово арии созвучно индексу R1a. По той же причине древние носители гаплогруппы R1b – это эрбины, поскольку их называть как-то надо, а название отсутствует. Эрбины – это хороший термин, простой и ясный. Поэтому, читая фразу *«Балановский особо подчеркнул вызывающий недоумение случай создания в рамках «ДНК-генеалогии» фантомного этноса ««эрбинов», якобы представляющих собой гаплогруппу R1b»,* опять приходится сомневаться в способности критика соображать. О терминах, как известно, не дискутируют, их или принимают, или не принимают. Недоумение при этом выказывают только люди недалекие, что и имеем. Далее, эрбины – это вовсе не «этнос», похоже, что популяционный генетик Балановский не знает, что гаплогруппа этнос не определяет. И эрбины не «якобы» представляют гаплогруппу R1b, а буквально, по определению.

Наконец, в терминах ДНК-генеалогии гаплогруппа – это род. В основе как гаплогруппы, так и рода (это синонимы) находился патриарх, родоначальник, потомки которого выжили со своими гаплотипами до настоящего времени.

Итак, вывод: в ДНК-генеалогии своя терминология, отличная от таковой в популяционной генетике.

---

248 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

Расчетный аппарат ДНК-генеалогии. Калибровка. Примеры.

Читаем «мою» страничку в Википедии. Там недавно появилось следующее: *«Ряд известных российских антропологов и генетиков выступил с критикой Клёсова и развиваемой им ««ДНК-генеалогии». Так, Олег Балановский, заведующий лабораторией геномной географии Института общей генетики РАН, полагает, что технические методы «ДНК-генеалогии» вовсе не оригинальны, представляя собой обычный метод молекулярных часов с рядом простейших модификаций…С его точки зрения, технические аспекты ««ДНК-генеалогии» являются ««малоэффективными, но приемлемыми»…».*

Сказана глупость, и не одна, а несколько всего в нескольких строках.

Во-первых, что такое «обычный метод молекулярных часов»? Это – шаблонная фраза, за которой нет никакой мысли, обычное попугайское повторение того, что когда-то услышал. «Метод Животовского» – тоже «обычный метод молекулярных часов», только часы торопятся в три раза, давая датировки втрое завышенные. Любая реакция в химических или биологических системах, описываемая константой скорости первого порядка, есть «обычные молекулярные часы», поскольку связана с хронологией процесса на молекулярном уровне. Динамика любого такого процесса связана со временем согласно формуле $c = c_0 e^{-kt}$, где c_0 – исходное состояние системы (например, начальное количество или концентрация изучаемого вещества; количество гаплотипов Y-хромосомы в изучаемой выборке, и т. д.), c – состояние системы в определенный момент времени t (где t – время прошедшее с начала реакции, t-to), или количество базовых, то есть исходных гаплотипов в изучаемой выборке в настоящее время, спустя время t, прошедшее со времени жизни общего предка изучаемой серии гаплотипов), k – константа скорости реакции. Эту же формулу можно переписать в виде $\ln(c_0/c) = kt$, и она становится выражением логарифмического метода анализа выборок гаплотипов в ДНК-генеалогии. Берем, скажем, сто или тысячу гаплотипов, или любое другое их число, делим на число базовых (то есть одинаковых, идентичных друг другу гаплотипов, суть предковых гаплотипов, которые не успели мутировать за время t, прошеднее со времени жизни общего предка), берем натуральный логарифм (ln), и получаем произведение kt, то есть константу скорости мутации, помноженную на число лет, прошедшее со времени жизни общего предка, или на число условных поколений, опять же прошедших после общего предка – в зависимости от того, выражали константу скорости в годах, или в поколениях.

Отсюда уже видно, что неважно, сколько лет положить на условное поколение – 20, 25, 30, 35 или любое другое число лет, поскольку константа скорости мутации тут же подстроится, они завязаны друг на друга, произведение-то одно. В ДНК-генеалогии берется 25 лет на условное поколение, и, соответственно, константы скорости мутации приобретают определенные значения, получаемые по калибровке. Как было показано выше, никак нельзя принимать константы скорости мутации на маркер за постоянные величины, одинаковые для всех гаплотипов. 65 % ошибки в расчетах – цена такого неумного (или неквалифицированного, или некомпетентного) предположения.

А что делают популяционные генетики? Именно так и принимают. Что константы скорости мутации (они говорят «скоростей мутации», без «констант», что технически неверно) для всех гаплотипов одинаковы. Более того, что они – «по Животовскому» – равны 0.00069 на маркер на 25 лет, для всех гаплотипов без разбору. Ошибку такого неквалифицированного подхода легко посчитать – она гуляет от гаплотипа к гаплотипу другой протяженности в диапазоне от 213 % ошибки до 352 %, и это только в «чистом случае», когда выборка гаплотипов симметрична. Если несимметрична – можно легко уйти в значительно большие ошибки. Так работает попгенетика. Это и есть псевдонаучный подход. Хотя – тоже «молекулярные часы», только никуда не годятся, время неправильно показывают.

С «молекулярными часами» разобрались, доктор наук Балановский не имеет об этом никакого понятия. Он не понимает, что иметь часы – дело нехитрое, но надо, чтобы они были отрегулированы. Это означает, что к ним должны прилагаться корректные константы

скоростей мутаций. С этим у попгенетиков просто драма, которая тянется уже десятилетия, а с появлением «скоростей Животовского», они же «популяционные скорости», в 2004 году, драма стала трагедией. Вот где пошла псевдонаука, если использовать язык Балановских. Об этом – в следующем разделе.

Но перед этим – другие глупости, которые от вопиющей малограмотности объявил новоиспеченный доктор наук Балановский. Впрочем, мы о них уже упомянули. Он объявил, что *«технические методы «ДНК-генеалогии» вовсе не оригинальны, представляя собой обычный метод молекулярных часов с рядом простейших модификаций…С его точки зрения, технические аспекты «ДНК-генеалогии» являются «малоэффективными, но приемлемыми»…».*

С «молекулярными часами», повторяю, разобрались. На что ни пойдет безграмотный человек, чтобы дискредитировать грамотного… пустится во все тяжкие, включая и свой позор на публике. Так что же такое «ряд простейших модификаций»? Введение впервые в оборот серии констант скоростей мутаций, нигде и никогда раньше не публиковавшихся? Введение в оборот логарифмического метода, совершенно незнакомого ранее поп-генетикам? Введение в оборот поправок на возвратные мутации, о которых попгенетики говорили, но никто и никогда не рассчитывал и не применял? Введение в оборот калибровок констант скоростей мутаций (об этом чуть ниже)?

Не знаю как для кого, а для меня ясно, что О. Балановский, будучи «на автопилоте» желания дискредитировать, себя уже не контролировал. Он что-то произносил, главное, чтобы было негативное, но смысла сам не понимал. Это – не наука, это и есть лженаука в исполнении О. Балановского, как и другого доктора, Е. Балановской.

Самое забавное в том, что этот незнайка, применяя «методы» популяционной генетики и ошибаясь на сотни процентов в датировках, заявляет, что *«технические аспекты «ДНК-генеалогии» являются «малоэффективными, но приемлемыми»…».* «Малоэффективные» произнесено на том же автопилоте, в том же раже дискредитировать. Если бы его спросили расшифровать понятие «малоэффективные», он бы не нашел, что ответить. Ни одного примера привести бы не смог. За «приемлемые» – отдельное спасибо, мой сарказм заметен?

Калибровка, а именно, как были получены те самые константы скоростей мутаций, о которых попгенетика не имела понятия, да и сейчас не имеет, была описана выше в настоящей книге. После этого нельзя без смеха читать то, что написала Балановская на «моей» страничке в Википедии. Там – следующее: *«Елена Балановская, заведующая лабораторией популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН, отмечает, что Клёсов эксплуатирует собранную генетиками информацию, обрабатывает её неизвестными методами».* Мало того, что я в основном использую общественные базы данных по гаплотипам, предоставляемых коммерческими компаниями, или это тоже «эксплуатация информации»? Оборот-то какой, уже с идеологическим уклоном. Правда, как злонамеренный, так и бессмысленный, информацию нельзя «эксплуатировать». Меня, кстати, засыпают письмами, почему я не удалю сам эту чепуху со странички в Википедии? На это я отвечаю, что не я эту страничку создавал, не мне ее и менять. Там много погрешностей, вплоть до неверного места моего рождения. Пусть как создали, так и будет, я памятники себе не создаю и любовно не подправляю. А в отношении мусора, который туда вбросили Балановские и их подельники, так пусть их дурь каждому видна будет.

Но я сейчас – про *«обрабатывает неизвестными методами».* Занятно, не так ли? Эти методы публикуются с 2008 года, они опубликованы на шести страницах журнала Human Genetics еще в 2009 году, они опубликованы в старейшем академическом журнале «Биохимия» (Москва), в дюжине других научных статей, в основном англоязычных, в книгах, они активно обсуждались на международных и российских сайтах – на один, сайт «Родство», кстати, захаживал Балановский, мог бы прочитать и маме рассказать. Но он предпочел там устроить скандал, называя гаплогруппу R1a фашистской, потому что она «арийская», за что и был выставлен с сайта модератором П. Шваревым. Сейчас Балановский

рассказывает с трибуны Конференции по карачаево-балкарцам трогательную историю, что его выставили с сайта только потому, что у него другая гаплогруппа, не как у остальных. Лжец он и есть во всем.

Коллизия популяционной генетики и ДНК-генеалогии (часть 2)

Итак, **ДНК-генеалогия и популяционная генетика** используют различную методологию, разные термины и принципиально разный расчётный аппарат, что приводит к кардинально различающимся выводам и историческим интерпретациям. Как мы увидели, сторонники попгенетики не брезгуют откровенно вненаучными приёмами дискредитации, пример – печально известные Балановские и их некоторые единомышленники.

Продолжим **сравнительное рассмотрение ДНК-генеалогии и популяционной генетики** , их расчетные методы и характер выводов. Рассмотрим пример, имеющий важное историческое значение. Он имеет прямое отношение к легендарным ариям, которые по историческим сведениям (скорее, предположениям) перешли в Индию примерно 3500 лет назад. Это впервые было высказано, видимо, немецко-английским ученым-ориенталистом Максом Мюллером (1823–1900), и эта дата приводится в книге Гордона Чайлдса «Арии. Основатели европейской цивилизации» (1926). Он пишет: *«…Ригведа была создана вскоре после 1400 года до н. э, и вторжение ариев в Индию относится примерно к тому же времени»* (то есть примерно 3400 лет назад). Но в следующем абзаце Чайлдс продолжает – *«Недавно вызов этой традиционной точке зрения был брошен сразу с двух сторон. Паргитер считает, что проникновение ариев в Индию началось задолго до составления ведических гимнов… Изучение генеалогий правителей привело упомянутого автора к заключению, что арии… вторглись в Индию скорее ближе к началу, чем к концу 2-го тысячелетия до н. э…Однако в последние годы она была оспорена и с другой стороны. Брюннхофер и некоторые другие исследователи утверждают, что…проникновение ариев в Индию следует относить к гораздо более позднему времени, чем это обычно предполагается* ».

Итак, имеем датировки для перехода ариев в Индию – примерно 3400 лет назад, примерно 4000 лет назад, и позже, скажем, 3000–2800 лет назад. Такой разброс и остался с 1926 года до настоящего времени. Поскольку четкой археологии, которая дала бы уточнение датировок, нет, то историческая наука так и осталась в отношении прихода ариев в Индии на том же уровне, что и 90 лет назад. Индийский эпос в основном иносказательный, из него для исторической науки много не получить. Древние названия местностей в Индии, как Арьяварта, датировкам не помогают. Поэтому развелось много ревизионистов, так называемых «индологов», которые несут такое, что уши вянут. Например, что ариев вообще не было, или что они, напротив, вышли из Индии и пришли в Европу. Всё это утверждает, например, некто А. Семененко из Воронежа, опять же «индолог». Его в ярость, сравнимой с таковой у Балановских, приводят данные ДНК-генеалогии с датировками общих предков у исторических ариев. Но об этом уже рассказано в предыдущих очерках.

Давайте посмотрим на эти данные, и сравним, что говорит об ариях в Индии ДНК-генеалогия, и что говорит попгенетика. Мнение некого А. Семененко мы отбрасываем как ненаучное и не заслуживающее внимания. Когда он поймет, вдумается, сам с покаянной придет, тогда и рассмотрим его «мнение».

В сети есть Проект Индии (FTDNA), это фактически база данных индийских гаплотипов. В ней 187 гаплотипов в 37-маркерном формате, из них 64 гаплотипа гаплогруппы R1a, то есть 34 % от всех. Дерево всех 187 гаплотипов выглядит следующим образом (построено с помощью профессиональной компьютерной программы PHYLIP 3.695 с преобразованием в программе MEGA6).

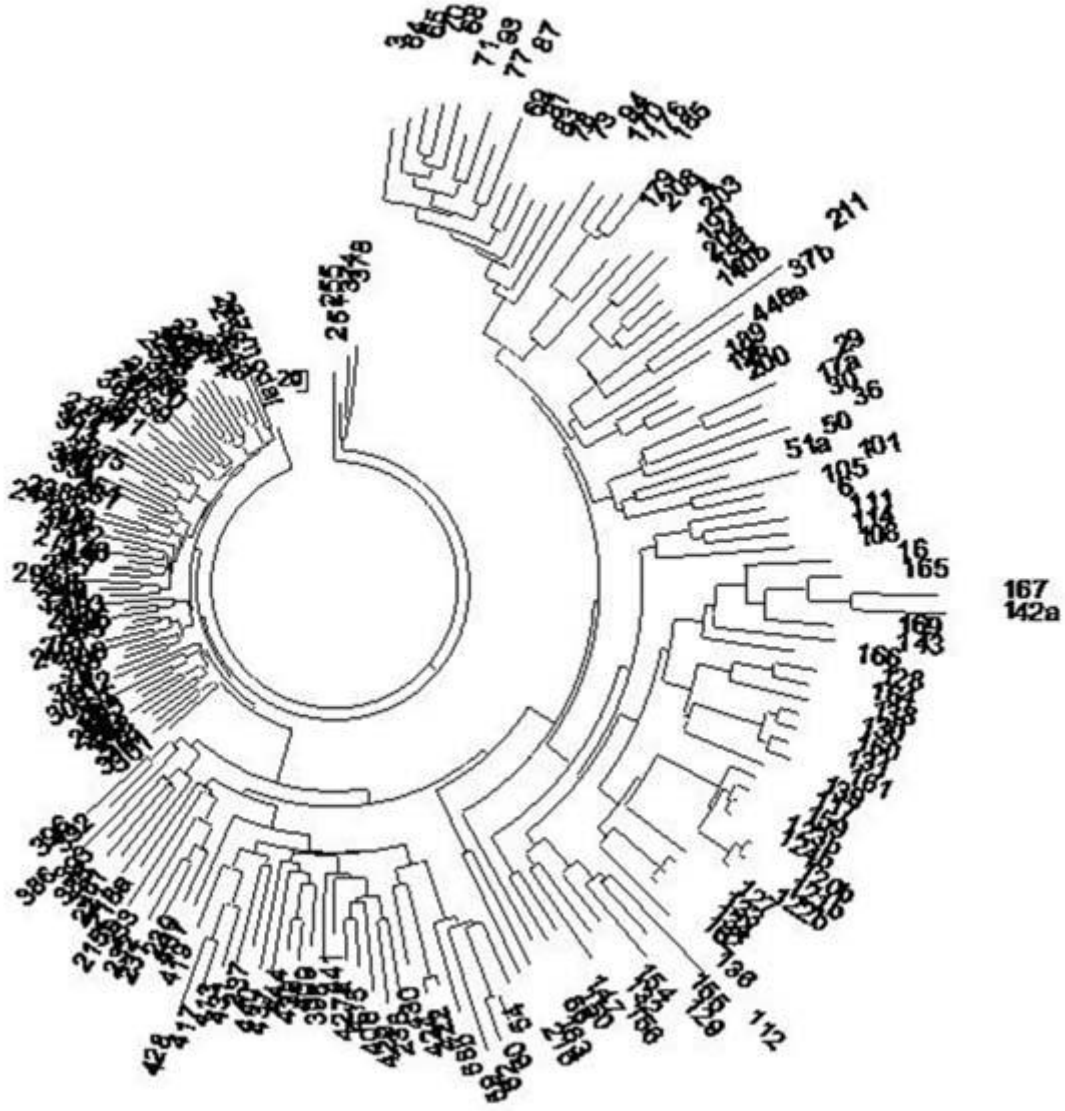


Рис. 68. Дерево 187 индиских гаплотипов Y-хромосомы в 37-маркерном формате. Слева – плотная ветвь из 64 гаплотипов, куда входят гаплотипы гаплогруппы/субклада R1a-L657. Общий предок этой ветви жил 4600±485 лет назад; справа и внизу – серии древних индийских гаплотипов гаплогрупп (по часовой стрелке) H, L, Q, L, J-M304, O, C, L, C, J1-M267, J2b-L282, J2-M172, R2-M124, Q (повторы гаплогрупп – это отдельные ветви этих гаплогрупп). Общие предки ветвей справа и внизу жили 8-12 тысяч лет назад.

Построено по данным Индийского проекта[249] FTDNA.

Слева – все 64 гаплотипа гаплогруппы R1a, которые образовали плотную ветвь, составленную, в частности, из гаплотипов субклада R1a-L657. То, что ветвь вполне однородная, показывает следующее дерево, уже только из гаплотипов данной ветви R1a-L657. Однородность дерева уже показывает, что все гаплотипы родственные, все происходят от одного общего предка, во всяком случае, с той точностью, которая нас в данном случае вполне устраивает. Посчитаем, когда этот предок жил. Во всех 64 гаплотипах в 37-маркерном формате – 867 мутаций, что дает 867/64/0.09 = 151 → 184 условных поколений, то есть 4600±485 лет назад. Расчет с помощью калькулятора Килина-Клёсова, основанного совершенно на другом принципе расчета, а именно по каждому маркеру отдельно, используя

249 https://www.familytreedna.com/public/India/default.aspx?section=yresults

калиброванные абсолютные константы скорости мутаций для каждого из 37 маркеров, дал время жизни общего предка гаплотипов R1a в Индии 4596±485 лет назад, то есть, округляя, получаем 4600±485 лет назад. Это та же величина, что и полученная «линейным методом».

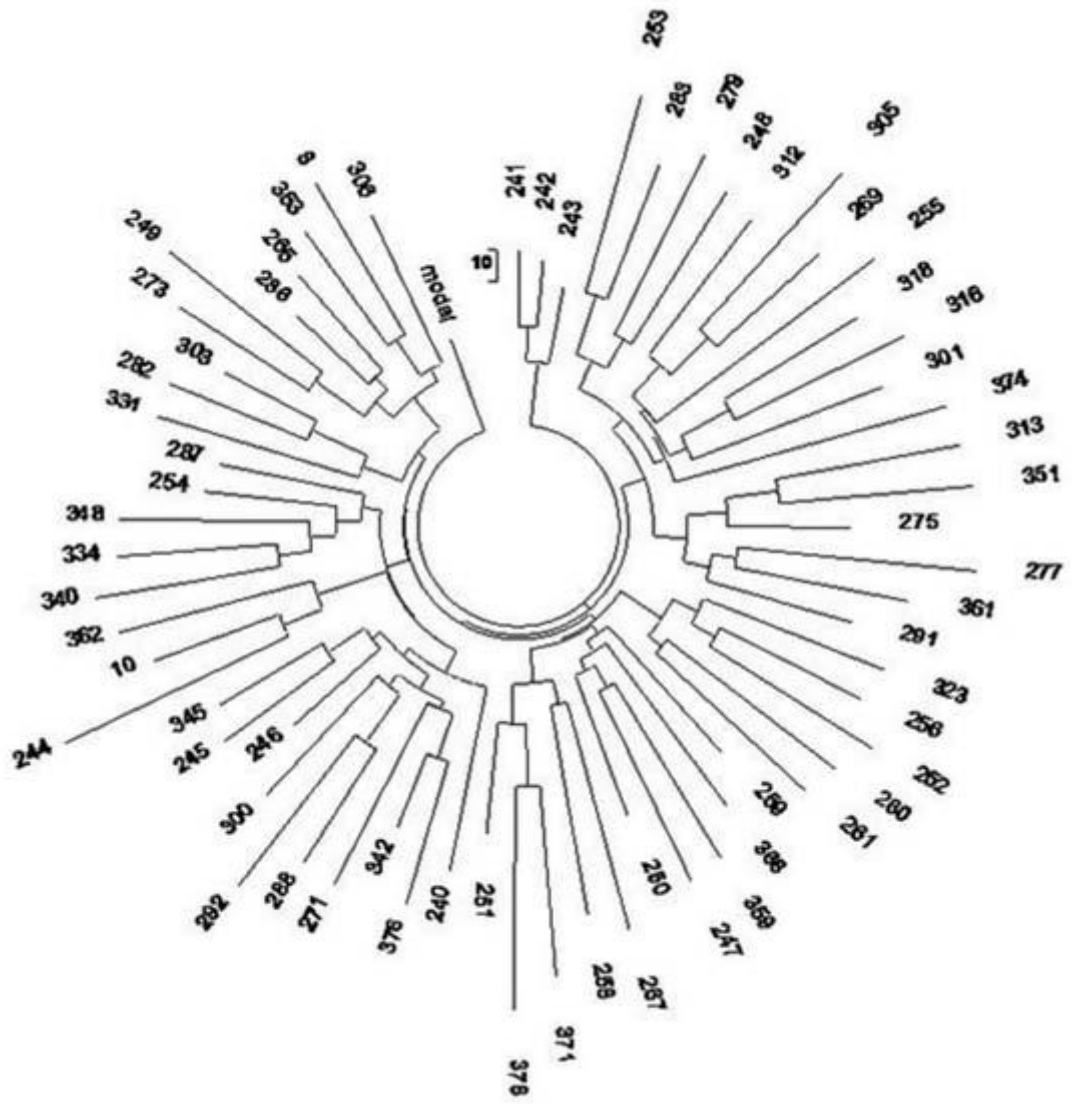


Рис. 69. Дерево 64 индийских гаплотипов (в 37-маркерном формате) левой плотной ветви на рис. 68. Это – предположительно субклад R1a-L657, хотя только 12 гаплотипов этой ветви были напрямую отнесены к L657 по результата тестирования. Общий предок дерева жил 4600±485 лет назад. Построено по данным Индийского проекта[250] FTDNA.

Но это время, отдаляющее нас от времени жизни общего предка гаплотипов группы R1a, живущих в настоящее время в Индии. Это вовсе не значит, что этот предок жил в Индии 4600 лет назад. В Индию его потомки пришли примерно 3500–3600 лет назад, то есть на тысячу лет позже времени жизни своего общего предка. Где же этот предок жил, откуда в Индию пришли арии?

Чтобы ответить на этот вопрос, рассмотрим базовый гаплотип индийских R1a. Он – следующий (к нему, ко временам примерно 4600 лет назад, сходятся все 64 указанные гаплотипа):

250 250. https://www.familytreedna.com/public/India/default.aspx?section=yresults

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 17 – 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16 – 11 12 19 23 15 16 18 19 35 39 13 11

А вот – предковый гаплотип этнических русских гаплогруппы R1a-Z280, общий предок которых жил примерно 4900 лет назад. Гаплотип приведен в книгах «Происхождение славян» (А.А. Клёсов, 2013, стр. 26) и «Арийские народы на просторах Евразии» (А.А. Клёсов, К.А. Пензев, 2014, стр. 246):

13 25 16 **11** 11 14 12 12 10 13 11 17 – **15** 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16–11 12 19 23 **16** 16 18 19 35 **38 14** 11

Мы видим, что предковые гаплотипы ариев и этнических русских очень похожи, между ними на вид всего 5 мутаций. На самом деле там всего 3.495 мутаций, потому что все отличающиеся аллели дробные. 3.495 мутаций между двумя 37-маркерными базовыми гаплотипами разделяют эти гаплотипы (то есть предков индийцев и этнических русских) на 3.495/0.09 = 39 → 41 условных поколений, или примерно 1025 лет. То есть их общий предок (субклад R1a-Z645) жил примерно (4900+4600+1025V2 = 5300 лет назад. Действительно, по данным компании YFull, рассчитанным по снипам, субклад R1a-Z645 образовался 5500±700 лет назад.



Они действительно близкие родственники, в пределах нескольких столетий. Более того, при наличии древней арийской топонимики на Русском севере (некоторые лингвисты это отрицают, но убедительных, или вообще каких-либо оснований не приводят, см. выше), становится ясным, что арии вовсе не замыкались в южных степях, как полагают некоторые археологи на основе материальных признаков степной и лесостепной полосы юга России и Украины. Ясно, что арии заселяли всю Русскую равнину с юга до севера, имели практически такие же гаплотипы, как и предки современных этнических русских (с общим предком всего за несколько веков до тех времен). Поэтому совершенно разумно считать носителей гаплогруппы R1a-Z645 ариями, как и их потомков, носителей субкладов Z93-Z94-L657 и Z283-Z282-Z280. Они все современники друг друга.

Теперь посмотрим, как считают популяционные генетики. Поскольку во всех 64 37-маркерных гаплотипах (то есть на 2368 маркеров) индийских носителей гаплогруппы R1a имеется 867 мутаций, то они получают, используя «скорость Животовского», 867/2368/0.00069 = 531 поколение по 25 лет на каждое, то есть 13275 лет назад. Иначе говоря, при типичных расчетах попгенетиков общий предок индийских гаплотипов группы R1a жил более 13 тысяч лет назад. Какие тогда арии, говорят они? Таких ариев не бывает, говорят они. Поэтому попгенетики делают следующий вывод – ариев в природе не было, а гаплогруппа R1a зародилась в Индии. Как видите, применять фантастически искаженную «популяционную скорость мутаций» вовсе не безобидно. Это тянет за собой некорректные

«исторические интерпретации», не имеющие ничего общего с реальностью. Более того, этому рады индийские националисты, для которых «ариев придумали англичане, чтобы порабощать индийский народ». Я понимаю, что в России эта мышиная возня националистов в Индии вообще никого не интересует, да и меня тоже, но считать нужно правильно, хотя бы во имя науки. Попгенетика и здесь показала себя не наукой.

Взглянем еще раз на «мою» страничку в Википедии. Читаем в разделе «критика»:

Носители этой гаплогруппы (R1a) в ДНК (Y-хромосома), как считает автор (А. А. Клёсов) в противовес мнению иных экспертов, перешли в Индию с севера во II тысячелетии до н. э. под самоназванием «арии»…

Итак, автор (то есть я) так «считает» (да не только автор, а тот же Гордон Чайлдс еще в 1926 году, см. выше, о чем «критики» предпочли не упоминать). Славно, не так ли? И далее:

Результаты ряда проведённых в 2000-е годы генетических исследований показали несостоятельность гипотез о доисторических миграциях индоевропейцев в Индию. См., например, следующие публикации:

Sanghamitra S., Zhivotovsky L.A., King R., Mehdi S.Q., Edmonds C.A., Chow C.-E.T., Lin A.A., Mitashree M., Sil S.K., Ramesh A., Usha Rani M.V., Thakur C.M., Cavalli-Sforza L.L., Majumder P.P., Underhill P.A. Polarity and Temporality of High-Resolution Y-Chromosome Distributions in India Identify Both Indigenous and Exogenous Expansions and Reveal Minor Genetic Infl uence of Central Asian Pastoralists (англ.) // American Journal of Human Genetics (англ.) русск. – The American Society of Human Genetics, 2006. – В. 78. – Т. 2. – С. 202–221.

Sanghamitra S., Singh A., Himabindu G., Banerjee J., Sitalaximi T., Gaikwad S., Trivedi R., Endicott P., Kivisild T., Metspalu M., Villems R., Kashyap V.K. A prehistory of Indian Y chromosomes: Evaluating demic diffusion scenarios (англ.) // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2006. – В. 103. – Т. 4. – С. 843–848.

Swarkar S., Rai E., Prithviraj S., Mamata J., Shweta S., Katayoon D., Bhat A.K., Bhanwer A.J.S., Tiwari P.K., Bamezai R.N.K. The Indian origin of paternal haplogroup R1a1 substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system (англ.) // Journal of Human Genetics (англ.) русск. – 2009. – В. 54. – С. 47–55. – DOI:10.1038/jhg.2008.2*

Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C.-E.T, Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Järve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A, Mehdi S.Q., Sanghamitra S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Dubravka Havas A., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a (англ.) // European Journal of Human Genetics (англ.) русск. – Macmillan Publishers, 2009. – В. 18. – С. 479–484. – DOI:10.1038/ejhg.2009.194

Metspalu M., Gallego Romero I., Yunusbayev B., Chaubey G., Mallick C.B., Hudjashov G., Nelis M., Mägi R., Metspalu E., Remm M., Pitchappan R., Singh L., Thangaraj K., Villems R., Kivisild T. Shared and Unique Components of Human Population Structure and Genome-Wide Signals of Positive Selection in South Asia (англ.) // American Journal of Human Genetics (англ.) русск. – The American Society of Human Genetics, 9 December 2011. – В. 6. – Т. 89. – С. 731–744. – DOI:10.1016/j. ajhg.2011.11.010

Я понимаю, Википедию наука не интересует, им нужно собрать все «до кучи». Но

давайте разберемся. Первая статья в списке, Sanghamitra S. et al. (2006), те же одиозные (в отношении расчетов) фамилии – Животовский, Underhill и другие. Какой метод расчета применялся? Естественно, Животовского. Какой возраст гаплотипов R1a там получили? Естественно, «exceed 10,000-15,000 years», то есть «превышающий 10–15 тысяч лет». Вывод? Никаких индоевропейцев в Индии не было. Историки и лингвисты в шоке, но не Л.А. Животовский и П.А. Андерхилл, а также под раздачу попавший бедняга Кавалли-Сфорца, член всех академий мира. Подставили его почем зря.

Следующая статья (тоже 2006) – не лучше. Группа индийцев и пара эстонцев-попгенетиков, не смыслящих в ДНК-генеалогии – Kivisild и Willems, президент эстонской академии наук, соавтор всех публикаций. Их у него, наверное, уже тысячи. Расчетов там вообще никаких нет, но есть «основополагающий» принцип – авторы полагают, что если бы арии пришли в Индию, то непременно принесли бы с собой букет разных гаплогрупп – C3, DE, J*, I, G, N, and O, а раз таких в Индии нет, то никакие арии в Индию не приходили. То, что они арии могли быть сами по себе, не смешиваться с чужаками, авторам в голову не пришло. А ведь именно это было на протяжении тысячелетий в высших кастах Индии – никаких смешиваний. Те, кто смотрели в СССР индийские фильмы в 1950–1970 гг., лицезрели индийские драмы и трагедии, как общество предохраняло высшие касты в Индии от смешивания с «низкими» кастами, и никакая межкастовая любовь не была оправданием. Так и продержались более трех тысяч лет, и сейчас гаплогруппа R1a в высших кастах достигает 72 % от всех[251]. И вот эта националистическая индийская чепуха идет на «мою» страничку в Википедию как якобы критика результатов и выводов ДНК-генеалогии.

Хорошо, переходим к третьей статье (2009). Там в Википедии почти у всех авторов перепутали имена и фамилии, и Shweta Singh, например, в Википедии идет как Shweta S., как аналогично и все остальные. Ну да ладно, каков поп, в смысле, «критики», таков и приход. Что более важно, в статье опять расчеты проведены «по Животовскому». Результат – гаплогруппа R1a в Индии образовалась 13768.12 лет назад и (другой вариант) 18478.26 лет назад, если считать 25 лет на поколение, и 17623.19 и 23652.17 лет назад, если считать 32 года на поколение. Представляете, точность до сотой части года! Это насколько нужно не думать, чтобы время до общего предка считать до сотой части года. Настоящая популяционная генетика… Здесь «метод Животовского» дает завышение в датировке в 2.75 раз и (другой вариант) в 3.70 раз. Про 32 года на поколение и говорить не приходится, это дает итоговое завышения в датировках в 3.52 и 4.73 раз. Результат – опять обсуждения того, что гаплогруппа R1a образовалась в Индии. А датировка на самом деле ниже, чем в Европе. В качестве дополнительного «аргумента» выставляется то, что «частота» гаплогруппы R1a в высших кастах Индии достигает 72 %[252], а в европейских странах – 40 %, как полагают авторы статьи. Авторы не понимают, что частота к происхождению никакого отношения не имеет. В Ирландии, например, частота гаплогруппы R1b около 92 %, а гаплогруппа появилась в Южной Сибири.

Предпоследняя статья, Underhill et al. (2010, в Википедии опять ошибка), очередная «мусорная» работа в отношении расчетов, в которой изучали субклад R1a-M458. Датировка его по данным ДНК-генеалогии – примерно 4000 лет назад, образовался на границе Польши и Белоруссии. Это – западнославянский и центрально-европейский субклад, имеет две соответствующие ветви, каждой примерно по 2900 лет. Ясно, что ко времени его образования арии давно ушли из Европы на Русскую равнину, и оттуда, как носители

---

251 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

252 Sharma, S., Ra1, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bameza1, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

субклада R1a-L657 – в Индию. Понятно, что эти M458 с ариями в Индию никак не могли попасть, как современные англичане никак не могли попасть в Америку с Колумбом. Но у попгенетиков свои правила, которые к науке отношения не имеют. Применяя те самые печально известные «константы Животовского», они «нашли», что возраст R1a-M458 в Польше уходит аж в мезолит, на 10700±4100 лет назад.

Эта расчетная ошибка попгенетиков во главе с Андерхиллом потащила за собой другие ошибки – они решили, что раз субклад M458 такой древний, из мезолита, то почему его нет в Индии (и в Средней Азии), куда он должен был попасть вместе с ариями? Отсюда последовал вывод, что ариев вовсе не было. То есть расчетная ошибка, бич попгенетиков, повела за собой грубую историческую ошибку.

На самом деле задачка решается в один ход – субклад M458 моложе субклада Z93, многочисленные потомки которого и выявлены в Индии. Большинство всех индийских R1a, для которых субклад определяли, относятся к субкладу R1a-L657, возраст которого примерно 4600 лет назад (см. выше, а также датировку компании YFull по снипам). Чуть позже, примерно 4500 лет назад, в Европе только образовался субклад M458. Иначе говоря, когда R1a-L567 пришли в Индию, с ними не было R1a-M458, потому что арии из Европы уже ушли.

К сожалению, вот таким мусором, как расчеты и исторические интерпретации в статьях попгенетиков, где есть «датировки» и соответствующие «интерпретации», заполнены академические журналы, как и цитируемый Eur. J. Human Genetics. Заметьте, там в авторах и российские попгенетики Балановские. Теперь для многих понятно, почему они «пошли свиньей» на ДНК-генеалогию, требуя ее отовсюду снять как «лженауку». Да потому что становится очевидным, что их статьи придется отзывать как ошибочные, а их, статей, – десятки, и все практически мусор в том, что касается датировок и исторических интерпретаций.

Кстати, в пленарном докладе д-ра Боринской (Ин-т общей генетики РАН) на Конференции по карачаево-балкарцам, в котором половина времени (и материала) было посвящено автору этих строк, даже с показом моего портрета, она особое внимание уделила моим высказываниям из очерка «Суета попгенетиков вокруг прародителей европейцев», где я критиковал недавнюю статью («Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans»), под которой подписались 98 авторов (Балановские среди них). Она в докладе представило дело так, что я якобы критиковал число авторов, мотивируя тем, что в других статьях и по 150 авторов бывает. При этом она умолчала, что на самом деле моя ключевая фраза была «я сделал критический разбор этой статьи, у которой 98 авторов, а дитя, как говорится, без глазу…». Моя критика была о том, что 98 авторов породили запутанное, вязкое исследование, изобилующее искажениями, неверными положениями, что они не состыковали геномные данные с данными ДНК-генеалогии, уже давно известными, да и просто с филогенией Y-хромосомы, которая не должна противоречить положениям и выводам статьи. Вот почему «98 авторов, а дитя без глазу». Была бы статья толковой, пусть там хоть тысяча авторов. Вот и выше – 34 автора (Underhill et al. 2010)[253], а статья привела к неверным выводам и заключениям, которые уже несколько лет цитируют в десятках публикаций и на форумных дискуссиях, не задумываясь, что 34 автора породили мусор.

Так и со статьей с 98 авторами. Одна из выступающих с пленарным докладом на той же конференции **«Этногенез, история, язык и культура карачаево-балкарского народа»** (ноябрь 2014 г., РАН) объявила, что статья замечательная и продвигает наше знание в

[253] Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C.-E.T, Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Järve M., Chaubey G., Ayub Q., Mohyuddin A, Mehdi S.Q., Sanghamitra S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Dubravka Havas A., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. (2010) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human Genetics, 18, 479–484.

отношении происхождения европейцев. И дальше было сообщено, в чем именно продвигает – в том, что было найдено, что «происхождение древних европейцев сходится к трем древним популяциям – древние охотники-собиратели, древние фермеры, и древние евразийцы». Представляете, какой основной вывод «эпохальной» статьи с 98 авторами, популяционными генетиками? Давайте расшифруем это замечательное высказывание. По принятым в попгенетике понятиям, «древние охотники-собиратели» – это все те, кто жили более 7 тысяч лет назад. «Древние фермеры» – это те, кто жили менее 7 тысяч лет назад. Ну, а древние евразийцы – все остальные. Переводим на нормальный язык, без этого волапюка. Вот перевод: «древние европейцы происходят от древних людей». Замечательно, не так ли? Продвигает знание. Для этого вывода понадобились 98 популяционных генетиков.

И дальше я пишу в своем очерке на Переформате:

Итак, очередная статья по анализу генома попгенетиками. Это уже означает как данность – будет очередной цирк. Но эта статья – знаковая. В ней почти сто авторов. Просто так в статьях по сто авторов не бывает. Это значит, статья заявлена как эпохальная. Еще бы – найдены предки жителей современной Европы. Три предковые популяции. И об этом ста авторами объявлено на весь мир.

А откуда сто авторов-то? Так тоже не бывает. Так раньше никогда не было. Вы видели у Эйнштейна, Менделеева, Паскаля по сто авторов в статье? Да и вообще – как сто авторов могут писать статью?

А они ее и не писали. Как поясняет сноска к статье, ее писали три автора, а по сути – только один, Иосиф Лазаридис, сотрудник Гарварда и МТИ. Еще двое, как начальники, статью просмотрели, возможно, сделали замечания – это David Reich из Гарварда и Johannes Krause из Германии. Некоторые писали отдельные части Приложения к статье. Остальные соавторы, типа все тех же Балановских, присылали образцы ДНК. Это полезно, сомнений нет, только за такую техническую работу раньше в соавторы не вставляли, а выносили благодарность в сноске. Это, конечно, мелочь, но показывает стиль современной «науки».

Переходим к заключительной, пятой статье на «моей» страничке в Википедии, из серии призванных показать, что ариев в Индии не было, и что ДНК-генеалогия поэтому показывает неверные выводы, во всяком случае в отношении Индии. Из предыдущих четырех статей мы видим, какова цена этим статьям. В трех из них применен «метод Животовского» (и в двух из этих статей в авторах сам Л. Животовский), одна – просто откровенное недоразумение, где авторы рассуждают «по понятиям, а не по науке». И вот – последняя статья. Она содержит ссылки на все четыре предыдущие статьи, разобранные выше. На них статья базируется, а именно, что ариев в Индии не было, в Индию они не приходили. То есть направление статьи уже задано. Так и оказалось. Но в этой статье уже геномные данные. И что же они показывают?

Данных много, проанализировали геномы 142 человек из 30 индийских этнических популяций, а всего расматривали геномы 1310 человек из 112 популяций. Главные выводы – что Индия в целом, по популяциям, очень древний субконтинент, с высоким «геномным разнообразием». Что выявлены два основных «предковых компонента», которые характеризуются «разнообразием и частотой» – один простирается от южной и западной Азии до Кавказа, второй, который характеризуется более высоким «разнообразием», сдвинут к южной Азии, и соответствует по численности более чем 50 % индийских популяций. Его древность в целом больше, чем 3500 лет, когда арии должны были прибыть в Индию. По мнению авторов, это не согласуется с «арийским вторжением» 3500 лет назад, а также ранее или позже. Правда, постоянно оговаривается, что данные по «потоку генов» сложны и неточны, что в древности таких «потоков» было много и они смазывают картину, что согласно некоторым авторам (те, что даны в Википедии и разобраны мной выше) индийцы во множестве ушли в Европу, и что даже «поток генов» между Индией и соседней Средней Азией является сложным и трудным для анализа.

Заключение статьи звучит так (убирая пустые в данном контексте фразы, например, о том, что процесс генетического структурирования в южной Азии продолжается и сейчас):

«Получены сложные данные, которые трудно объяснить только предполагаемым недавним прибытием индоариев, но который свидетельствует о многообразных потоках генов в южноазиатский генетический пул, как с запада, так и с востока, на протяжении долгого времени». И дальше – про липидный метаболизм и диабет, и что нужно продолжать заниматься исследованиями. Ну и где там данные, противоречащие прибытию ариев в Индию?

Напоминаю, под каким «соусом» это помещено на «моей» страничке в Википедии. А именно, что это – «в противовес мнению иных экспертов», в смысле в противовес данным

ДНК-генеалогии, и что это показывает «несостоятельность гипотез о доисторических миграциях индоевропейцев в Индию». Отается только развести руками. Пять статей «иных экспертов», три из которых откровенно неверны, так как применяли псевдонаучные «популяционные скорости», завышающие датировки на сотни процентов, одна статья полна недоразумений и построена «по понятиям», последняя вообще ничему не противоречит. Ох уж эта Википедия, которая в угоду «рецензентам», не имеющим никакой квалификации, засоряет ерундой в общем-то ценное издание.

Несколько комментариев в отношении последней статьи, по геному индийцев. На самом деле то, то авторы получили, никакого удивления не вызывает. Я уже не раз в своих статьях показывал, что, как ни странно, картина снипов в геноме следует за простенькой Y-хромосомой. Действительно, в геноме определяются сотни тысяч и миллионы снипов, а в ДНК-генеалогии Y-хромосомы для каждой гаплогруппы – всего несколько, определяющие гаплогруппу и субклад. То есть как бы хвост вертит собакой, причем хвостик совсем маленький. Любой генетик скажет – что за ерунда, мы Y-хромосому вообще почти не принимаем во внимание, когда анализируем геном. Вот в чем опять драма и трагедия современной генетики вообще и попгенетики в частности. Они не смотрят «трехмерно», за пределы своей маленькой (в этом отношении) парадигмы. А там четкие закономерности, которые генетики не видят, потому что не знают и не хотят знать филогению гаплогрупп Y-хромосомы. Связь между геномом и филогенией Y-хромосомы я описал на ряде примеров в статье «Действительно ли «генетики нашли разных русских?» на Переформате. Статью я закончил так: *«…(надо) понять, что лежит в основе вариаций в геноме, задающих глубинные различия между популяциями. Эти различия идут из тьмы тысячелетий, и что особенно интригует – они определенно завязаны на мутации, определяющие мужские гаплогруппы. Это – совершенно новая концепция, и решать эту загадку надо в содружестве генетиков и ДНК-генеалогов».*

Так вот, то, что в Индии «древнее разнообразие» – совершенно не удивительно, его диктуют, в частности (и в особенности) древние гаплогруппы L, H, J, Q, C, R2, и каждую из них можно датировать с помощью подходов ДНК-генеалогии. То, что в этом «разнообразии» тонет относительно недавняя гаплогруппа R1a в Индии – неудивительно, хотя ее около трети в современной Индии, но это только среди тех, кто может заплатить не менее 200 долларов за тест. Индийцы из джунглей в это число не входят. Поэтому вряд ли число носителей R1a в Индии превышает 15 % от всего мужского населения. Это и есть в основном потомки ариев, прибывших в Индию примерно 3500 лет назад. А те, кто образует геномную связь с Афганистаном и Кавказом – это носители гаплогрупп G2a, Lib и Lic, наряду с другими, минорными. В общем, все эти геномные данные можно усилить данными ДНК-генеалогии, в том числе корректными датировками, и привести их в порядок.

Похоже, что в Индии осталось небольшое количество особенно древних носителей гаплогруппы R1a, и они иногда выявляются в джунглях, но систематических исследований их не проводилось, субклады их не определялись, в высших кастах (и в кастах вообще) они не представлены, они попадают при классификации или в низшие касты (lower caste), или в племена (tribes). Видимо, они попали в Индию в ходе древнейших миграций из Южной Сибири на запад, когда носители R1a в итоге прибыли в Европу примерно 9-10 тысяч лет назад (Klyosov, 2009–2012). Но эти данные получены на коротких гаплотипах, в которых ошибки тестирования проявляются намного больше, чем при работе с протяженными

гаплотипами. А поскольку данные по этим древним R1a в Индии фрагментарные (в известном списке Sengupta[254] их, например, практически нет, за исключением, быть может, гаплотипов 4, 95, 109 на дереве гаплотипов на рис. 70), то систематического изучения их пока не проводилось, субклады неизвестны.

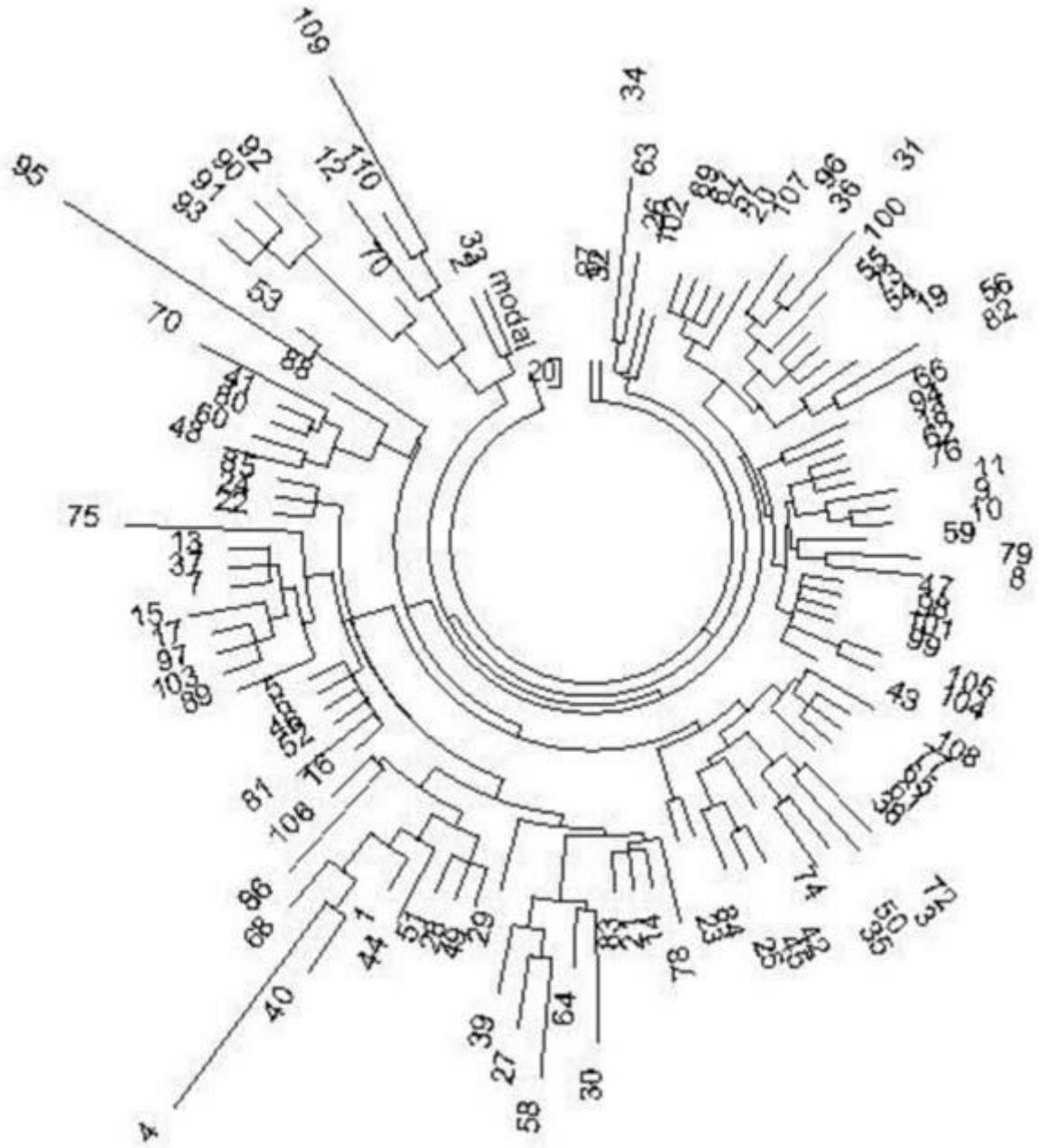


Рис. 70. Дерево из 110 гаплотипов (в 10-маркерном формате) гаплогруппы R1a в индийских кастах и племенах. Построено по данным Sengupta et al [255]. Формат

254 Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.-E. T., Lin, A.A., Mitra, M., Sil, S.K., Ramesh, A., Rani, M.V.U., Thakur, C.M., Cavalli-Sforza, L.L., Majumder, P.P., and Underhill, P.A. (2006) Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. Amer. J. Human Genet. 78, 202–221.

255 Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.-E. T., Lin, A.A., Mitra, M., Sil, S.K., Ramesh, A., Rani, M.V.U., Thakur, C.M., Cavalli-Sforza, L.L., Majumder, P.P., and Underhill, P.A. (2006) Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. Amer. J. Human Genet. 78, 202–

гаплотипов – DYS 393, 390, 19, 391, 388, 439, 389-1, 392, 389-2, 461 (константа скорости мутации 0.0149 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет).

На данных Сенгупты (2006) стоит остановиться чуть подробнее, поскольку именно «расчеты» этих самых известных данных по Индии (более тысячи 10-маркерных гаплотипов в выборке, из них 110 гаплотипов гаплогруппы R1a) приводят популяционных генетиков к тому, что общий предок носителей R1a в Индии жил более 14 тысяч лет назад (Животовский – в авторах и статьи Sengupta et al; естественно, датировки опять рассчитывали «по Животовскому»). Дерево гаплотипов на рис. 70 не слишком симметричное, но считать вполне можно, на что указывает и полученный базовый гаплотип дерева (здесь приведены 9 маркеров, поскольку десятый, DYS461, не входит в список 37-маркерных гаплотипов, которые будут приведены ниже для сравнения, X – маркеры, которые не определяли в работе Sengupta)

13 25 15 10 X X X 12 10 13 11 17

Все 110 гаплотипов содержат 344 мутации, что дает 344/110/0.0149 = 210 → 249 условных поколений, то есть 6225±710 лет до общего предка. Здесь 0.0149 – константа скорости мутации для 10-маркерного гаплотипа, приведенная выше.

Сравним полученный базовый гаплотип с таковым для индийцев субклада R1a-L657, приведенным выше в 37-маркерном формате (общий предок жил 4600±485 лет назад):

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 17 – 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15
15 16 – 11 12 19 23 15 16 18 19 35 39 13 11

Если переписать его в виде, удобном для сравнения

13 25 **16** 10 X X X 12 10 13 11 17

то мы увидим, что базовый гаплотип, полученный по данным Сенгупты (включающих низшие и высшие касты и племена), и базовый гаплотип, полученный по данным индийского проекта FTDNA, различаются всего на одну мутацию (выделено), а на самом деле всего на 0.55 мутаций; если усреднить по всем аллелям маркера DYS19, получим DYS19 = 15.55. Другими словами, это одинаковые предковые гаплотипы, но датировка по данным Сенгупты несколько более высокая. Некоторое завышение последней датировки вызвано несколькими особенно мутированными гаплотипами (см. рис. 70).

Такова цена утверждениям попгенетиков, что ариев в Индии не было, и что общий предок индийских R1a жил более 14 тысяч лет назад. И здесь ДНК-генеалогия полностью переигрывает популяционную генетику.

Расчетный аппарат попгенетики и его фактическая ненаучность, которая усугубляется фальшивыми «калибровками»

Выше в этой книге был дан иллюстративный пример расчета времени общего предка знаменитой шотландской «генеалогической» семьи МакДоналдов, которая в гаплогруппе R1a ведет свою линию от Джона Лорда Островов (John Lord of the Isles), умершего в 1386 году, то есть 628 лет назад. Было показано, что подход ДНК-генеалогии дает совершенно разумное совпадение с документальной генеалогией по Джону и его потомкам.

Документальная генеалогия дает 628 лет до годовщины смерти Джона (1386 год), а ДНК-генеалогия дает 650–700 лет до времени его жизни (1314–1364 год), то есть практически абсолютное совпадение в контексте данного исследования, учитывая, что год

221.

его рождения неизвестен.

Попробуем рассчитать те же данные «по Животовскому»:

6-маркерные гаплотипы: 17/68/6/0.00069 = 60 поколений, то есть 1500 лет до Джона.

12-маркерные гаплотипы: 44/84/12/0.00069 = 63 поколения, то есть 1575 лет до Джона.

25-маркерные гаплотипы: 109/84/25/0.00069 = 75 поколений, то есть 1875 лет до Джона.

37-маркерные гаплотипы: 178/59/37/0.00069 = 118 поколений, то есть 2950 лет до Джона.

Столь разные величины поколений и лет в результате применения «метода Животовского» получаются потому, что константы скорости мутаций для разных гаплотипов разные (самые высокие – для 37-маркерных гаплотипов), а в «методе Животовского» они для всех одинаковые – 0.00069 мутаций на маркер на 25 лет. Но это не самая большая проблема (хотя она приводит к дополнительным ошибкам почти в два раза, от 1500 лет до 2950 лет). Еще хуже то, что результаты получаются «ни в какие ворота». Вот так работают «расчеты» популяционных генетиков. Как видим, разница та же, завышение в датировке на 230–450 %, в данном конкретном случае. А поскольку случаи разные, то попгенетики задирают датировки обычно в 2.3–5.0 раз. Вот такая цена их расчетам. Впрочем, это уже было рассмотрено выше. Но попгенетики продолжают плодить в академической литературе мусор. А те, кто в этом ровным счетом ничего не понимают, как тот же воронежский «индолог» Семененко, тем не менее, вылезают со своим критическим словом, что «метод Животовского» самый правильный, потому что им пользуются все популяционные генетики в мире. И далее – «Я *опираюсь на данные международных коллективов профессиональных генетиков, опубликованные в ведущих международных научных журналах по генетике».* Грош цена этим «международным коллективам профессиональных генетиков», а также рецензентам этих «международных научных журналов», а также неучам, кто это бездумно повторяет.

Это – трагедия современной популяционной генетики. А люди, которые в этом совершенно не разбираются, продолжают кудахтать, другого слова не подберу, что «он не генетик» (это про меня). Но генетика здесь совершенно не при чем, нет в ДНК-генеалогии генетики, генетика закончилась до ДНК-генеалогии, когда генетики определили, какие мутации есть в ДНК, сколько «тандемных повторов» есть в маркерах, и какие снипы найдены в каких участках Y-хромосомы. Иначе говоря, генетика, а точнее, лаборанты в компаниях типа FTDNA или в лаборатории популяционной генетики РАМН, снабжают нас этими данными, а ДНК-генеалогия идет дальше, проводя количественную обработку этих данных, чего генетики делать уже не умеют. У них образование не то, их этому не учили. А учиться, как показывают последние 6–8 лет, они либо не могут, либо не хотят.

Что же касается того, что наши с И.Л. Рожанским калибровки констант скоростей мутаций *«не дали ничего нового»,* и *«просто повторили давно известное»* (то, что заявил Балановский с трибуны в ходе своего доклада), то это только указывает на уровень компетенции «специалиста». Уровень Балановского – ужасающе низкий. Совершенно серый уровень, никакой творческой искры, сплошные штампы.

Кстати, у меня на конференции был продолжительный разговор с Л.А. Животовским, в ходе которого был снят целый ряд недоразумений, как-то застрявших в голове Льва Анатольевича. Он выставил мне четыре вопроса (они-то и были недоразумениями), и остался ответами полностью удовлетворен, вопросы снял. Один из них отражал традиционное заблуждение (скорее, дезинформацию) попгенетиков, что я якобы приравниваю гаплогруппу к этносу. Как только я напомнил, что везде пишу, что у этнических русских есть четыре основных гаплогруппы и полтора десятка минорных, у карачаево-балкарцев три основных гаплогруппы и целый ряд минорных, он тут же сказал – понял, вопрос снимаю.

Другой вопрос был о том, почему я не учитываю «пропадания» генеалогических линий, поскольку по причине этого он и использует сильно заниженную константу скорости

мутации (0.00069, а не 0.00179 для 67-маркерных, или 0.00243 для 37-маркерных), чтобы компенсировать потери. И еще, почему я не учитываю размер популяции, поскольку когда у отца рождается в итоге 40 сыновей, а у тех еще по много сыновей, то идет быстрый разбег мутаций в ДНК сыновей и прочих внуков и правнуков, и это надо учитывать. Об этом он рассказывал в своем докладе.

Я пояснил, что это принципиальное заблуждение популяционных генетиков, потому что когда, например, между общим предком и мной 40 поколений, то мне все равно, сколько у меня братьев и прочих родственников, поскольку мутации между общим предком и мной (только мной!), и любым другим потомком (в каждом случае одним, конкретным) идут в каждом случае исключительно на протяжении этих 40 поколений, только по этой вертикали, по этой генеалогической ниточке. У остальных выживших родственников от того же общего предка – то же самое, те же 40 поколений, как и у всех остальных. Поэтому у всех нас сегодня, у каждого потомка этого общего предка, в 111-маркерных гаплотипах в среднем по 8 мутаций. У одних 7 мутаций, у других 9 мутаций, у третьих 8 мутаций, но в среднем 8 мутаций у каждого. Если нас, протестированных, собрать 100 потомков от этого общего предка, то на всех придется 800 мутаций в наших 111-маркерных гаплотипах. Вот и получаем: 800/100/0.198 = 40 поколений до общего предка (я здесь для простоты пренебрегаю возвратными мутациями). А у тысячи потомков будет 8000 мутаций, и получим 8000/1000/0.198 = 40 поколений, то же самое. А у 20 потомков будет 160 мутаций, и получим 160/20/0.198 = 40 поколений, то же самое. И это не зависит, сколько нас выжило в потомках, 20 человек, или 100, или 1000 (просто погрешность расчетов больше у малого числа гаплотипов). Потому что мутации в каждом из нас индивидуальны. Здесь, кстати, 0.198 – это константа скорости мутации в 111-маркерных гаплотипах.

Лев Анатольевич долго мучился, пытаясь побороть в себе это старое заблуждение попгенетиков, и я, чтобы ему помочь, привел пример с радиоактивным распадом. Там неважно, образец радиоактивного материала в килограмм весом, или в грамм, или в миллиграмм. Время полураспада будет одинаковым, и, значит, и константа скорости распада будет той же самой. Процесс-то первого порядка, как и мутации в гаплотипах. По такому же принципу размер образца (число потомков) не влияет на константу скорости мутации, и у попгенетиков – принципиальное заблуждение на этот счет. В итоге Л.А. согласился, но сказал, что еще помоделирует, что я приветствовал. Мы даже предварительно договорились написать совместную статью, в которой разобрать и сравнить основные принципы и положения популяционной генетики и ДНК-генеалогии, но позже Л.А. Животовский от такой статьи отказался (см. выше, «Ответ профессору Л.А. Животовскому»). Нетрудно догадаться, почему.

Правда, несколько позже выяснилось и другое. Выше я уже писал, что на Конференции была зачитана (профессором Э.К. Хуснутдиновой) Резолюция Круглого стола по антропологии, генетике и ДНК-генеалогии, в которой не было никаких слов «осуждения» ДНК-генеалогии, да их и не могло быть, поскольку аудитория принимала ДНК-генеалогию с энтузиазмом, и даже изгнала из зала Балановских, которые пытались устроить обструкцию дополнительной лекции по ДНК-генеалогии, на которую собрался зал. Иначе говоря, был провал противников ДНК-генеалогии.

Однако Балановская изготовила подметную «резолюцию», и тиражировала ее в сети. Об этом я тоже писал. При этом она сообщила, что *«Проект резолюции разработан учеными, представляющими и генетику, и антропологию: Е.В. Балановской, О.П. Балановским, Л А. Животовским, Д.В. Пежемским. Также текст был одобрен ВА. Шнирельманом, мнение которого особенно важно в плане формулировок, касающихся этносов. Окончательные формулировки были утверждены председательствовавшим модератором (Н.К. Янковским)».*

Характерно, что фамилий профессора Э.К. Хуснутдиновой и профессора М.Д. Каракетова, основных модераторов Круглого стола, среди перечисленных «разработчиков» нет. Пикантно и то, что именно Э.К. Хуснутдинова зачитывала настоящую Резолюцию на

заключительном пленарном заседании Конференции, но не попала в список «разработчиков». Как и М.Д. Каракетов, который пытался остановить Е. Балановскую в ходе ее доклада, когда она давала мне персональные (негативные, разумеется) характеристики, но остановить ему не удалось. Балановская его откровенно проигнорировала, и, как видно, к составу «разработчиков резолюции» не подпустила. Зато там оказался В.А. Шнирельман, которого не было ни среди модераторов, ни среди докладчиков Круглого стола, ни, наверное, участников Конференции, и который, уверяю, не имеет никакого понятия о ДНК-генеалогии.

Кстате о В. Шнирельмане. Совершенно очевидно, что его привлекли к «одобрению» не случайно. Он – автор печально известного доклада при Московском бюро по правам человека, доклада под названием «Мифы современного расизма в РФ», в котором он как пугало выставляет древних ариев, раздел доклада называется «Праиндоевропейцы и русский национализм», и весь доклад построен в издевательских конструкциях в отношении изучения древней истории русского народа. «Расисты» для Шнирельмана – это те, кто занимается древней историей славян, их он называет «идеологами», и они, конечно, Шнирельману неприятны. Он пишет:

...они объявляют, что «вопрос древней истории – это первостепенный вопрос государственной стратегии». Со своей стороны они рисуют Евразию исконной родиной славяно-русов, где они жили якобы в течение тысячелетий, закладывая здание будущей человеческой цивилизации. Подхватывая мессианский советский миф, эта концепция опрокидывает его в отдаленное прошлое и изображает доисторических предков богатым и щедрым народом, отважными воинами и неутомимыми завоевателями, благородными культуртрегерами и создателями едва ли не всех древнейших цивилизаций.

Разумеется, древняя история славян Шнирельману крайне неприятна. В список таких «идеологов», которые, по мнению Шнирельмана, используются русскими националистами, попали известный востоковед И.М. Дьяконов и лингвисты В.В. Иванов и Т.В. Гамкрелидзе, а также «мифотворец-патриот Л.Н. Гумилев» (о, патриот – это бранное слово у Шнирельмана), сибирский археолог В.Е. Ларичев *(«пропагандировались фантазии сибирского археолога В.Е. Ларичева о древнейшей в мире цивилизации в Сибири, созданной, естественно, индоевропейцами»),* писатель В.А. Чивилихин (который *«настаивал на том, что предки славян были автохтонами в поволжских и причерноморских степях. В итоге он договаривался до того, что славяне будто бы существовали как общность уже пять тысяч лет назад* », и *«не без удовольствия замечал, что и в долине Хуанхэ древнейшее население было представлено светлокожими индоевропейцами»* (какое уж там удовольствие для Шнирельмана…).

В число «идеологов» попали также академик Б.А. Рыбаков, в трудах которого *«рисовалась многотысячелетняя история первобытных славян»* (это – крайне неприятно для Шнирельмана), как и то, что *«корни славян Рыбаков издавна искал в бронзовом веке»,* и *«Рыбаков делал все, что в его силах, чтобы обнаружить славянские корни в глубинах первобытности».* Шнирельману крайне неприятно то, что академик Рыбаков *«полагал, что доказательство глубокой древности славян положительно скажется на самосознании и самоощущении русского народа. Не случайно одну из своих популярных статей он назвал «глубокие корни – могучая крона»».* С точки зрения Шнирельмана, это плохо. Это – плохая «идеология». Это – «национализм». Интересно, с каких пор шнирельманы диктуют нам, русским, что такое «национализм», и почему русский патриотизм – это плохо, это плохая «идеология».

В число «идеологов» попал и О.Н. Трубачев, который, по мнению Шнирельмана, является *«важным источником информации для русских националистов»,* а именно его *«теория… о близком родстве и теснейших контактах между славянами и индоариями в Северном Причерноморье».* И далее – *«…Трубачев всеми силами пытался доказать, что после ухода оттуда основной массы их соплеменников в Переднюю Азию какие-то группы*

индоариев надолго задержались в Северном Причерноморье и вполне могли иметь тесные контакты с ранними славянами». Это *«не осталось незамеченным в стане русских националистов». «В своих псевдонаучных построениях они…следовали разработкам Иванова и Гамкрелидзе»,* а другие *«вновь вернулись к идее балканской прародины».* По мнению Шнирельмана, это очень плохо, ну, не могут древние русские и прочие славяне быть *«щедрым народом, отважными воинами и неутомимыми завоевателями»,* это все вредные мифы. А уж арии – это пунктик у Шнирельмана. Арии непременно относятся к нацистской Германии. И так далее, полсотни страниц вот такого ненавистного по отношению к истории славян текста. Может, это и есть расизм, только шнирельмановский?

Надо сказать, что за прошедшие со времени его доклада несколько лет основные его пассажи в отношении отсутствия древней истории славян оказались полностью отвергнуты если не «официальной наукой», то научными данными, в первую очередь ДНК-генеалогией. Подтвердились выводы и В.Е. Ларичева, и И.М. Дьякова, и Б.А. Рыбакова, и О.Н. Трубачева, и В.В. Иванова и Т.В. Гамкрелидзе, и Л.Н. Гумилева, и В.А. Чивилихина, но никак не Шнирельмана.

Понятно, что он с готовностью принял приглашение Балановской, для того, чтобы *«текст был одобрен ВА. Шнирельманом, мнение которого особенно важно».* Ну, понятно, не бином Ньютона. Для Балановской и Шнирельмана древность славян – как нож по сердцу. Поэтому надо «валить и мочить» ДНК-генеалогию. Вот так делаются дела в РАН, и наглость тех, кто так «делает», не имеет предела. История опять повторяется, в виде фарса.

Так вот, я написал Л. Животовскому, и спросил, действительно ли он был среди «разработчиков» этой «резолюции». Он ответил, что проект резолюции ему прислали тогда, когда этот «проект» уже неделю подавался Балановскими в СМИ как якобы принятый Конференцией, то есть окончательный, и по сообщению Л. Животовского, он вычеркнул из «проекта» слова *«выводят ее* (т. е. ДНК-генеалогию) *за рамки академических наук»,* а все остальное оставил. То есть оставил и «в *рамках распространяемой в интернете «ДНК-генеалогии»* », и *«прикрепляются этнические названия к генетическим ««родам» и археологическим культурам»,* и *«понятийно-расчётный аппарат ДНК-генеалогии научно необоснован»,* и *«не прошёл научную апробацию»* и *«основан на смешении популяционно-генетических, генеалогических и историко-культурных понятий»,* и *«находятся в противоречии с необходимостью корректного подхода».*

И это после того, как он снял практически все свои вопросы в ходе нашей с ним дружеской дискуссии в очереди в академической столовой и за самим обедом. Все вопросы снял! А если не снял – имел все возможности снять. Он же знает прекрасно про мои статьи и книги в области ДНК-генеалогии, но поддерживает слова «распространяемой в интернете»! Он прекрасно знает, что я не прикрепляю никаких «этнических названий» к археологическим культурам, да и как это возможно? У них уже есть названия. Скажем, майкопская культура – как можно к ней применять «этническое название»? – эти названия все молодые, а культура – старая. Как Л. Животовский может поддерживать «положение» о том, что расчетный аппарат ДНК-генеалогии «научно необоснован»? Что он «находится в противоречии с необходимостью корректного подхода»? Все это Животовский прекрасно знает, но… Помните, что Ленин говорил про интеллигенцию, что это вовсе не мозг нации? Вот то-то и оно. Это он и про Животовского говорил. На меня, признаться, Л. Животовский при личном общении поначалу произвел хорошее впечатление. Видимо, по сравнению с Балановской, которая произвела при личном общении впечатление крайне отталкивающее. Но, увы, с Животовским произошла ошибка. Манеры забили сущность. Нерукопожатность не выявилась. Поначалу.

Возвращаемся к «методу Животовского» и «генеалогическому методу» в исполнении попгенетиков. Первый – вообще чудовищно неправилен в любом исполнении, второй в исполнении попгенетиков просто примитивен, и потому неправилен. Там не делят серии гаплотипов на ветви, там смешивают общих предков ДНК-линий, там получают фантомные датировки, в общем, все равно получается ерунда. Но поскольку Балановские думать не

умеют, то они в последнее время на всякий случай используют оба метода, так в статьях и описывают – «метод Животовского», и «генеалогический метод». А потом подбирают, какой им лучше подойдет, по обстановке. Это что, наука? Позор это, а не наука. Разобраться они так и не смогли, и, естественно, их датировки в таком бессильном варианте никому не нужны. Разница их – обычно в три раза друг с другом. Вот и судите об уровне их компетенции и «творческой» пассивности.

Критика попгенетики со стороны ДНК-генеалогии в печати

В 2009 году в журнале Human Genetics вышла статья группы авторов – Michael Hammer, Doron Behar, Tatiana Karafet, Fernando Mendez, Brian Hallmark, Tamar Erez, Lev Zhivotovsky, Saharon Rosset, Karl Skorecki – по датировке общего предка коэнов (по Библии и Торе – потомков Аарона, брата Моисея, которого (Аарона) Всевышний назначил быть первосвященником. Эта работа была мной задолго до того выполнена, и я показал, что общий предок коэнов (гаплогруппы J1) жил чуть больше тысячи лет назад (1075±130 лет назад – линейным методом, и примерно 1025 лет назад – логарифмическим). Понятно, что по датировке нынешние коэны этой гаплогруппы никакого отношения к Аарону не имеют, поскольку библейский Аарон должен был жить примерно 3600 лет назад, во времена библейского же исхода из Египта. Мои данные показали, что, возможно, их предки прошли «бутылочное горлышко популяции» и продолжили свою ДНК-линию в 10-м веке нашей эры. Но, по предположению Президента международной ассоциации коэнов в нашей с ним личной переписке, возможно, тот уважаемый еврей тысячу лет назад был просто назначен коэном, или избран местной еврейской общиной, поскольку общине был нужен легитимный лидер, а наследственного коэна, чтобы продолжить дело, не оказалось. Такая процедура предусмотрена иудейским религиозным законодательством. Поэтому общий предок нынешних коэнов и жил примерно тысячу лет назад, в 10-м веке нашей эры плюс-минус сотня лет.

Но указанная группа авторов (Hammer, Животовский и др.) применили, разумеется, «скорость Животовского», и получили, разумеется, «время жизни Аарона» в библейские времена, а именно 3190±1090 лет назад, о чем торжественно заявили, что получили прекрасное совпадение с ожидаемым результатом. Статья закачивается так: *«Полученная датировка согласуется с гипотезой, что «линия коэнов» является уникальной ДНК-линией древних евреев, и унаследуется по отцовской линии вместе с линией еврейского духовенства».* Там же обязательные фразы, что история еврейских священников сложна, и ее необходимо продолжать изучать.

Поскольку результаты и выводы статьи были фундаментально ошибочными, я написал откровенно разгромную статью в тот же журнал, Human Genetics, на 14 «машинописных» страницах (в итоге 6 журнальных страницах), в которой подверг резкой критике «метод Животовского» и полученные результаты, и пересчитал заново все их данные, приведя совершенно красноречивые деревья гаплотипов. Статья была принята к печати через неделю после ее получения редакцией, у меня такое в жизни было только дважды из сотен статей. Ответ попгенетиков ждали больше месяца, задержав выпуск журнала. Ответ пришел совершенно беззубый, вялый и неконструктивный. И понятно почему – крыть авторам было нечем, можно было только вяло возражать, не приводя никаких данных или разумных аргументов. «Аргументы» были следующими, в сумме их было восемь:

1. Оппонент (то есть я) выступил с критикой слишком быстро, что *«не есть в интересах основательного научного процесса».*

2. В свой критике я ссылаюсь на недоступные и неопубликованные работы (в частности, в печати в J. Genetic Genealogy).

3. Использую нестандартную терминологию, как, например, «логарифмический» и «линейный» методы.

4. Я сделал неверный вывод, что гаплотипы образуют «генеалогию» и к ним могут применяться «генеалогические» подходы (то есть не «популяционные»).

5. Я не учитывал *«генетический дрейф»* или *«никакие другие особенности мутаций в микросателлитах»* (какие – пояснено не было, см. ниже).

6. Авторы не знают, насколько мой метод применим к их системе.

7. Применяемый метод Животовского правильный, откалиброван и критически рассмотрен в научной печати.

8. Применяемые мной «деревья гаплотипов» являются интересными и могут быть в высшей степени полезными, но к ним нужно относиться с «большой осторожностью».

Положение (1), конечно, вызывает смех. Авторы, видимо, не в курсе, что «метод Животовского» уже давно вызывает насмешки, что я его давно и детально разобрал (что и делаю опять в данной статье), и на это описание мне не нужно дополнительного времени.

Положение (2) можно было бы принять, если бы не русскоязычные Л. Животовский и Т. Карафет в авторах. Один вопрос мне в частной переписке, если они не умеют пользоваться Интернетом, и я бы дал им ссылки на работы, на которые они легко могли бы взглянуть. Мог бы и выслать. Если бы они хотели. Но жела

ния, явно, не было.

Положение (3) – авторы просто не владеют предметом. Логарифмический метод в химической кинетике существует уже десятки лет. Он подробно и в азбучном варианте изложен в учебнике И.В. Березина и А.А. Клёсова «Практический курс химической и ферментативной кинетики» (1976), который уже почти 40 лет служит основным учебником по данному предмету для университетов. Опять – короткий вопрос со стороны Л. Животовского или Т. Карафет, и они узнали бы для себя много нового. Но не захотели.

Положение (4) – авторы опять не поняли, о чем речь, или сделали вывод, что не поняли. А речь о том, что дерево гаплотипов можно разложить по ветвям, и к каждой ветви приложить «генеалогический подход» и «генеалогическую скорость мутаций». А вот обрабатывать все дерево чохом, поперек ветвей, как делают авторы, категорически неверно.

Положение (5) – авторы снова не поняли, что разложение дерева по ветвям – это и есть учет «генетического дрейфа». Фраза «Никакие другие особенности мутаций в микросателлитах» может только вызвать смех. Какие «другие особенности» – авторы не пояснили.

Положение (6) – в моем «Комментарии» всё описано. Авторы просто не захотели, или не смогли разобраться.

Положение (7) – неверно и подтасовочно. Мы уже знаем, какой он «правильный», как «откалиброван» и как «критически рассмотрен в научной печати».

Положение (8) – наконец-то, разумные слова. Следует, правда отметить, что к «методу Животовского» слова про «осторожность», по мнению авторов, видимо, неприменимы. Там осторожность не нужна. Это только к другим авторам относится. Во всяком случае, прошло более пяти лет, и слова *«являются интересными и могут быть в высшей степени полезными»* так и остались словами. Судя по сегодняшней реакции Балановских, эти слова они к действию не приняли. Напротив, ДНК-генеалогия у них вызывает озлобление, и я уже пояснил, почему. Если в 2009 году они еще были начинающими, то сейчас погрязли в неверных данных, статьях и интерпретациях, пройдя точку невозврата.

С тех пор я многократно критиковал «метод Животовского» в печати – и в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, и в J. Genet. Geneal., и в книге «Происхождение славян», в главе 16, и в журнале Advances in Anthropology, и на «Переформате». Этот «метод» неоднократно

критиковал Dienekes Pontikos в своем блоге, подчеркивая его фундаментальную неприменимость для расчетов по сериям гаплотипов. Но попгенетики литературу не читают и литературы не знают, кроме своих собственных статей.

Отсутствие критики ДНК-генеалогии со стороны попгенетики в научной печати

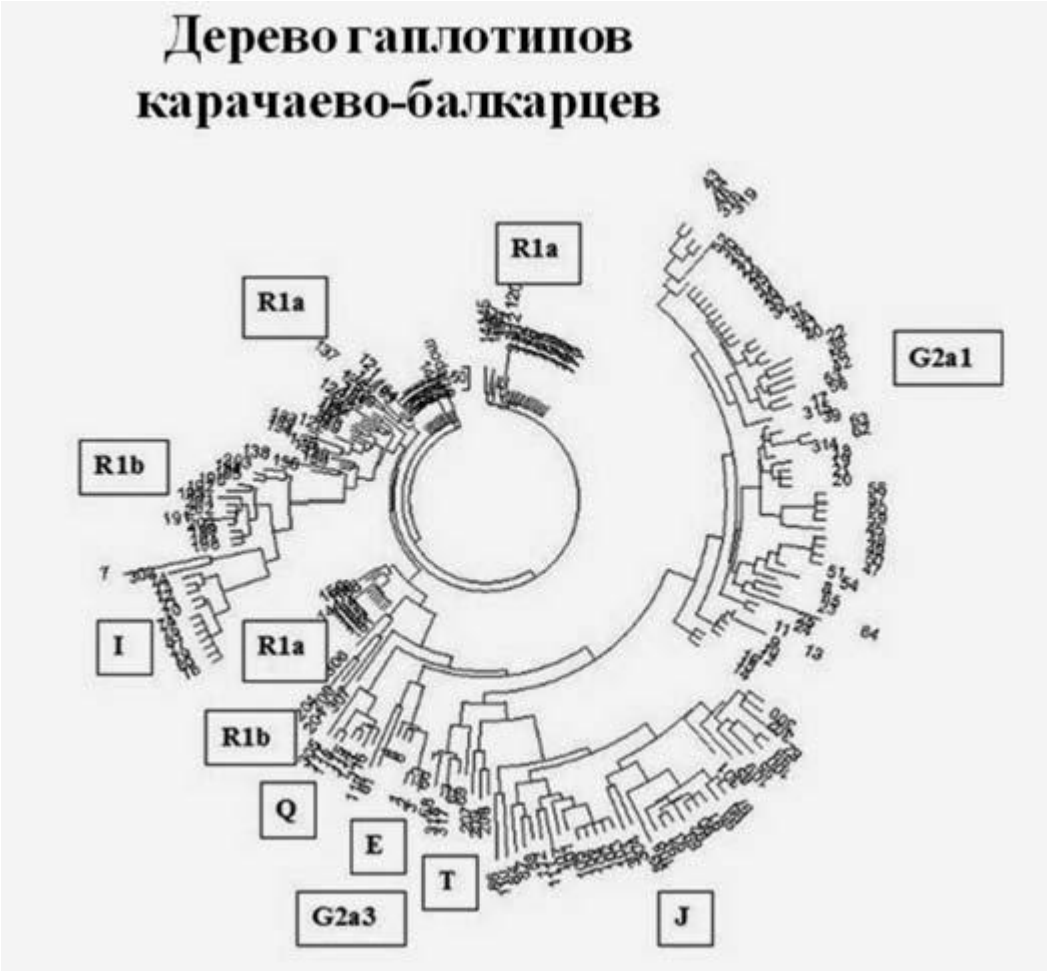
Этот раздел исключительно краткий. Просто потому, что в научной печати никакой критики ДНК-генеалогии не было. Вся «критика» сводится к совершенно неквалифицированным, а зачастую злобным комментариям в сети (Балановские, Клейн, Дробышевский, Семененко и многие другие «любители»). То, что на ноябрьской Конференции в РАН в своих докладах говорили Бо-ринская и Балановские, это не критика, это набор в лучшем случае недоразумений и искажений, в худшем – откровенная ложь. Об этом – далее.

Коллизия популяционной генетики и ДНК-генеалогии (часть 3)



В этой части речь пойдёт как раз об упомянутой конференции «Этногенез, история, язык и культура карачаево-балкарского народа», которая состоялась 24–28 ноября 2014 года в Российской академии наук. Организованная группа попгенетиков попыталась устроить на этом научном форуме провокацию, вызвав искреннее возмущение участников. Но чтобы не сводить науку к негативу, как делают «оппоненты» ДНК-генеалогии, расскажем, какие новые материалы по ДНК-генеалогии карачаево-балкарцев были представлены на состоявшейся конференции.

Приведем 14 из 46 слайдов, показанных в моем докладе на Конференции, и краткие комментарии к тем, которые нуждаются в дополнительных пояснениях.



Слайд 1

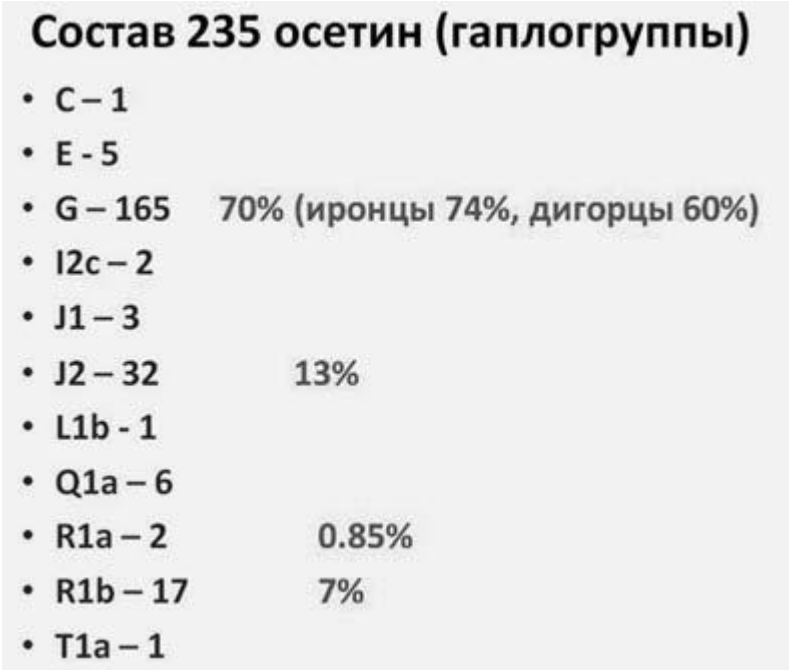


Слайд 2

Из первого слайда видно, что карачаево-балкарцы весьма разнородны по своему родовому составу. Ясно, что происхождение их тоже неоднородно, и доля их основых родов (R1a, G2a, J2, и R1b) показана на втором слайде. Основные два рода – R1a и G2a –

охватывают примерно по трети всего карачаево-балкарского народа.

Третий слайд показывает родовой состав осетин. Он принципиально отличен от родового состава карачаево-балкарцев. У осетин гаплогруппы G2a – более двух третей от всего народа, а у иронцев – почти три четверти.



Слайд 3

Поэтому утверждать, что карачаево-балкарцы и осетины – этносы, сходные по происхождению, это ошибка.

В принципе, из слайда доклада Балановского, показанного на той же конференции, видно, что эти два этноса имеют разный родовой (гаплогруппный) состав. С его слайдом есть, впрочем, две проблемы. Они небольшие, но показывают неряшливость докладчика в подготовке к представлению доклада. Во-первых, на слайде Балановского сообщается, что карачаевцы и балкарцы имеют идентичный состав. Это не так. У балкарцев заметная доля гаплогруппы R1b, которая на слайде Балановского никак не отражена. Во-вторых, у Балановского используется устаревшая номенклатура. В классификации уже год как нет субклада «G-P18», который как ненадежный был удален из списка.



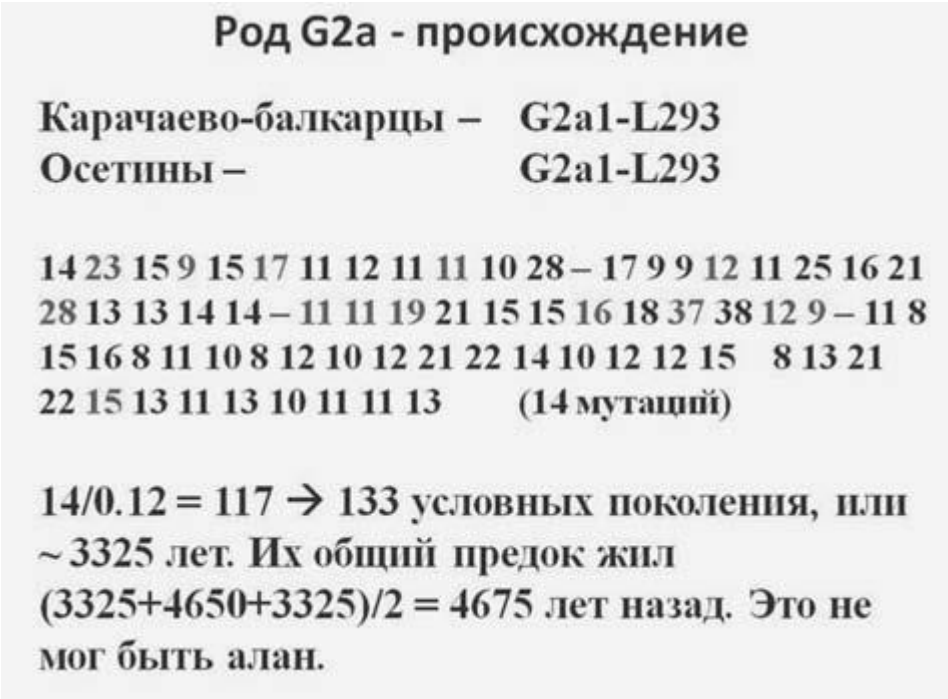
Слайд из доклада О. Балановского на Конференции:



Слайд 4 (из доклада А.А. Клёсова)

Слайд выше (А.А. Клёсов) показывает, что хотя карачаево-балкарцы и осетины гаплогруппы G в основном относятся к одному субкладу (G2a1-L293), базовые гаплотипы их

значительно – на 14 мутаций – различаются, что уводит их общего предка примерно на 4675 лет назад (см. слайд ниже). Это не мог быть алан, так как аланы принадлежат другой эпохе, а именно к первому тысячелетию нашей эры. В дальнейшем в докладе А.А. Клёсова показано, что общий предок карачаево-балкарцев и осетин мог жить в исторической Бактрии, действительно 4500–5000 лет назад. Потомки того общего предка сейчас живут в Афганистане, в Пакистане, на Кавказе. Все они имеют субклад G2a1-L293.



Слайд 5

Балановский произвел детализацию данных, разделил гаплотипы группы G2a1 осетин на дигорцев и иронцев, и предположил, что первые имеют одинаковое происхождение с карачаево-балкарцами, а вторые отличаются (см. следующий слайд). В принципе, это дело никак не меняет, потому что в таком случае в Бактрии жил общий предок не осетин и карачаево-балкарцев, а осетин-иронцев и карачаево-балкарцев. Но проверим, так ли это, что гаплотипы карачаево-балкарцев и иронцев практически идентичны, как утверждает Балановский.

Надо сказать, что Балановский и здесь передернул, показав слайд со словами *«В интернет-публикации по ДНК-генеалогии утверждается, «У КАРАЧАЕВЦЕВ И БАЛКАРЦЕВ… СУБКЛАД G-P18 ДРУГОЙ, ЧЕМ У ОСЕТИН, и это приводит к выводу, что предки гаплогруппы G^18 у осетин и карачаевцев были разными. Это несколько неожиданный вывод, но вполне надежный*». На самом деле цитата из статьи на Переформате была следующей:

«У карачаевцев и балкарцев почти абсолютно преобладает первый субклад (90 %), как и у осетин (для этого следует посмотреть на дерево выше, там справа наверху раскидистая ветвь G2a1, и внизу – маленькая веточка G2a3). Но он несколько другой, чем у осетин, если рассмотреть гаплотипы, и это приводит к выводу, что предки гаплогруппы G2a1 у осетин и карачаевцев были разными. Это несколько неожиданный вывод, но вполне надежный».

Как мы видим, в цитате нет индекса «G-P18», это Балановский сам вставил устаревший, вышедший из употребления индекс. Далее, в цитате нет бессмысленного выражения «субклад G-P18 другой, чем у осетин». Субклад есть субклад, двух одноименных,

но разных субкладов не бывает, так что «другого» быть просто не может. Поэтому я пишу «другой, если рассмотреть гаплотипы». То есть речь идет о разных ветвях гаплотипов в составе одного древнего субклада.

Эта бессмыслица Балановского продолжается на следующем его слайде, под названием «G-P18 у осетин и карачаево-балкарцев: одинаковая или разная?». Повторяю, что G-P18 (даже если оставить в стороне, что такого в номенклатуре больше нет) не может быть «одинаковой или разной», это один и тот же субклад. Неряшливость у Балановского во всем проявляется. Я, со своей стороны, в докладе постоянно подчеркивал, что у карачаево-балкарцев и осетин гаплогруппы G субклад один и тот же, G2a1, но он древний, и давно разошелся на отдельные ветви. К одной относятся карачаево-балкарцы, к другой – осетины. На моем слайде выше и показаны базовые гаплотипы этих разных ветвей, общий предок которых жил примерно 4675 лет назад.



Слайд из доклада Балановского на Конференции

Иначе говоря, я разделяю во времени происхождение КБ и осетин, Балановский разделяет (но хронологию не упоминает) КБ и осетин-иронцев, и объединяет КБ и осетин-дигорцев. Здесь у представления Балановского (слайд выше) есть две (как минимум) проблемы.

Первая – в национальных проектах очень редко указывают, дигорцы осетины или иронцы. Во всяком случае, в Осетинском Проекте FTDNA из 260 человек (подавляющее большинство из которых составляют носители гаплогруппы G), только 7 человек из гаплогруппы G, нас сейчас интересующей, назвали себя иронцами, и 12 человек – дигорцами. Поэтому якобы данных, которые показывает на слайде Балановский по части разделения осетин на дигорцев и иронцев по состоянию на декабрь 2014 года, просто нет. Источник данных на слайде не приведен. Похоже, это «разделение» – продукт фантазии, подтасовки, подгонки – как хотите, так и называйте. Обычное дело у популяционных

генетиков.

Вторая проблема – тот способ представления, что продемонстрирован на слайде Балановского, несет принципиальный дефект. Там нет хронологии, а именно время жизни общих предков ветви отсутствует. Другими словами, мы не знаем, недавняя эта ветвь или древняя. Например, если ветвь слева внизу насчитывает тысячелетия со времени образования (а, наверное, так и есть, судя по разбросу точек, соответствующих карачаево-балкарцам и осетинам), то Балановский просто другими словами повторил мое утверждение, что карачаево-балкарцы и осетины гаплогруппы/субклада G2a1 разошлись тысячелетия назад, и от алан те и другие произойти никак не могут. Тогда непонятно, что оспаривает Балановский.

Проверим, так ли это.

Ниже приведено дерево из 156 гаплотипов карачаево-балкарцев и осетин в 67-маркерном формате. Карачаево-балкарские гаплотипы пронумерованы от 1 до 278, гаплотипы осетин – от 500 до 759 (нумерация включала и более короткие гаплотипы, которые на дерево не нанесены).

Для нас сейчас интересна плотная ветвь на самом верху дерева (технически, в направлении на 1 час). В ней – 23 гаплотипа, все из Северной Осетии, за исключением адыгского 278, но видно, что он фактически происхождения из Северной Осетии, или близко родственнен. В увеличенном виде ветвь дается ниже (см. подпись под диаграммой (рис. 72), детализирующую строение ветви).

Все 21 гаплотип содержали 114 мутаций от базового гаплотипа ветви:

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 17–17 9 9 12 11 25 16 21 28 13 13 14
14 – 11 11 19 21 15 15 16 18 37 38 12 9 – 11 8 15 16 8 11 10 8 12 10 12
21 22 14 10 12 12 15 8 13 21 22 15 13 11 13 10 11 11 13



Рис. 71. Дерево 156 карачаево-балкарских (КБ) и осетинских гаплотипов Y-хромосомы в 67-маркерном формате. Нумерация КБ гаплотипов от 1 до 278, осетинских – от 500 до 759 (нумерация включала и более короткие гаплотипы, которые на дерево не нанесены). Верхнюю часть дерева (сектор от 8 часов до 1 часа) занимают гаплотипы группы G2a1, за исключением всего пяти гаплотипов G2a2b осетин (нижний край сектора, гаплотипы 665, 664, 670, 671, 673), из них трое назвались дигорцами, иронцами не назвался никто. Самая плотная, молодая ветвь (на 1 час) – Северная Осетия, ее возраст 1175±160 лет, примерно с 9 века нашей эры, плюс-минус полтора века. Справа, по часовой стрелке, большая ветвь гаплогруппы R1a – все карачаево-балкарцы; далее малая ветвь (из пяти гаплотипов) гаплогруппы Q, смешанная из КБ и осетин; далее двойная ветвь гаплогруппы R1b (молодая подветвь выше – все карачаево-балкарцы, более старая подветвь ниже – все осетины); далее, на 5 часов, малая смешанная ветвь гаплогруппы E; ниже ее малая смешанная ветвь гаплогруппы Q; внизу дерева смешанная широкая ветвь гаплогруппы J – сначала (малая подветвь на 6 часов) несколько гаплотипов группы J1, в основном из Дагестана, которые попали в данный осетинский Проект, затем несколько гаплотипов группы J2a, среди которых три осетина, грузин и чеченец. Замыкает цикл мелкая (то есть совсем молодая) ветвь гаплогруппы I карачаево-балкарцев и пара гаплотипов осетин группы I2c (674 и 675).

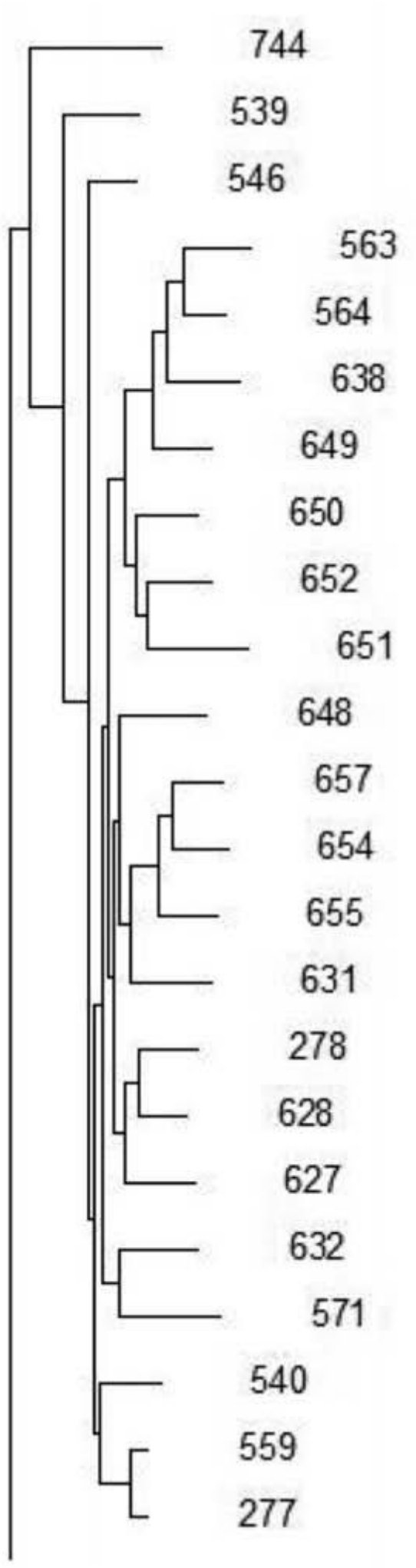

744
539
546
563
564
638
649
650
652
651
648
657
654
655
631
278
628
627
632
571
540
559
277

Рис. 72. Верхняя плотная ветвь с кругового дерева выше в развернутом виде. Гаплотип 744 принадлежит этническому русскому, и из расчетов снят (он добавляет 100 лет ко времени жизни общего предка, и из фрагмента выше видно, что он выбивается из общей ветви). Все гаплотипы в Проекте записаны как из Северной Осетии, кроме упомянутого 744, а также гаплотипа 546 (Джугашвили, записан как Грузия, но ясно, что это Северная Осетия), 278 (записан как Адыгея, но ясно, что по происхождению Северная Осетия или совершенно родственный). Гаплотип 277 продублирован в Карачаево-Балкарском проекте, но это гаплотип под номером 559 из Северной Осетии. Поэтому в расчет времени жизни общего предка включали 21 гаплотип.

Он в точности такой, какой был ранее описан в статье «Что говорит ДНК-генеалогия о кавказцах»[256], где был приведен и базовый 111-маркерный гаплотип этой группы:

14 23 15 9 15 17 11 12 11 11 10 17 – 17 9 9 12 11 25 16 21 28 13 13 14
14 – 11 11 19 21 15 15 16 18 37 38 12 9 – 11 8 15 16 8 11 10 8 12 10
12 21 22 14 10 12 12 15 8 13 21 22 15 13 11 13 10 11 11 13 – 30 15 8
16 11 23 27 21 9 11 13 13 11 9 10 12 10 11 12 27 10 12 22 14 11 10 24
15 17 14 23 18 12 15 27 12 21 18 11 14 17 9 21 11

114 мутаций на 21 67-маркерный гаплотип дают 114/21/0.12 = 45 → 47 условных поколений, то есть 1175±60 лет до общего предка этой ветви. В статье на Переформате ранее было сообщено о датировке 1375±210 лет, но это было для меньшего количества гаплотипов (о чем свидетельствует большая погрешность расчета), и не изымались несколько посторонних гаплотипов, что сделано сейчас.

Итак, мы опять видим, что группа молодых северо-осетинских гаплотипов гаплогруппы G2a1 удалена от карачаево-балкарских гаплотипов той же группы, что пытался оспорить Балановский в своем докладе на Конференции. При этом он не привел ни одного гаплотипа, и не сообщил ни одной датировки. Это и есть популяционная генетика.

Перейдем к группе смешанных гаплотипов карачаево-балкарцев и осетин гаплогруппы G2a1, и приведем эту смешанную ветвь, точнее, группу подветвей, в увеличенном виде (рис. 73).

256 http://pereformat.ru/2013/09/west-kavkaz-dna/

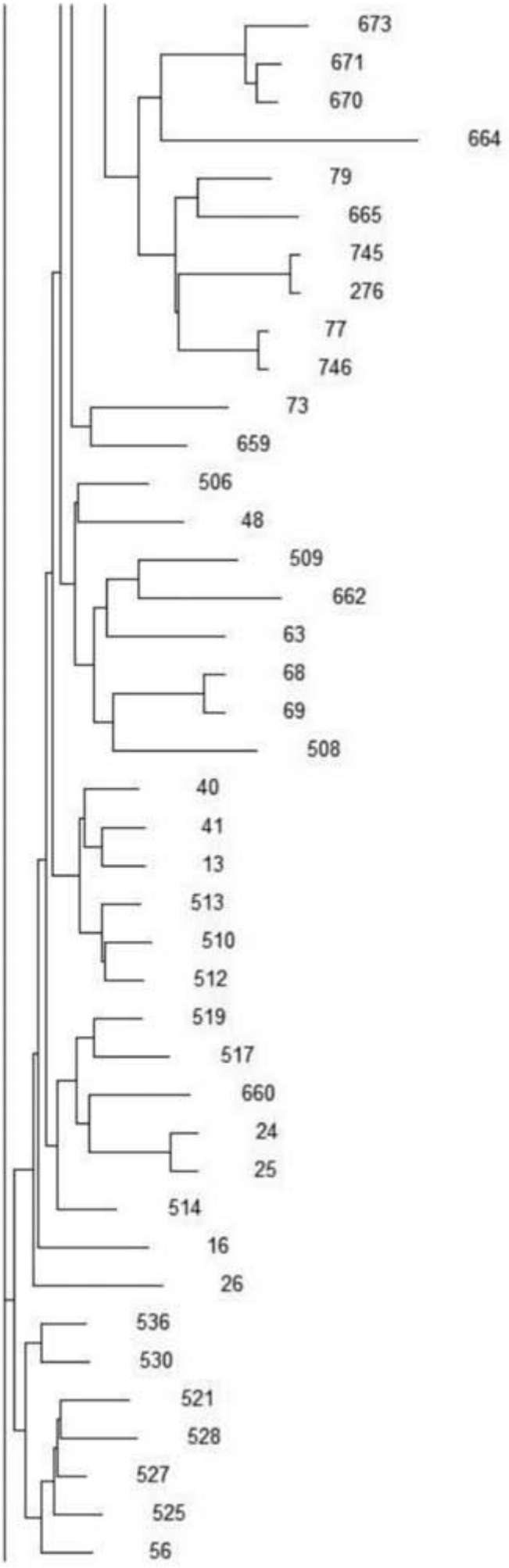

673
671
670
664
79
665
745
276
77
746
73
659
506
48
509
662
63
68
69
508
40
41
13
513
510
512
519
517
660
24
25
514
16
26
536
530
521
528
527
525
56

Рис. 73. Левая верхняя ветвь с кругового дерева выше в развернутом виде. Нумерация КБ гаплотипов от 1 до 278, осетинских – от 500 до 759.



Мы видим, что практически ни одной «чистой» подветви, то есть либо карачаево-балкарцев, либо осетин здесь нет. Все 31 гаплотип этой смешанной ветви имеет 458 мутаций от базового гаплотипа

14 **22** 15 **10** 15 **16** 11 12 **12 12** 10 17–17 9 9 **11** 11 25 16 21 28 13 13
14 14 – **10 10 20** 21 15 15 **15** 18 **36 37 11 10** – 11 8 15 16 8 11 10 8
12 10 12 21 22 14 10 12 12 15 8 13 21 22 **16** 13 11 13 10 11 11 13

Это дает 458/31/0.12 = 123 → 141 условное поколение, или 3525±390 лет до общего предка этой смешанной карачаево-балкарской-осетинской ветви (точнее, набора подветвей). Опять ясно, как я и подчеркивал ранее, что эта смешанная мужская популяция не могла произойти от алан, поскольку в середине II тыс. до н. э. алан не было, во всяком случае тех, которых историки посылали на Кавказ в I тыс. нашей эры, то есть двумя тысячелетиями позже.

В базовом гаплотипе выше отмечены 15 мутаций, отличающие этот предковый гаплотип от базового гаплотипа из Северной Осетии, той же гаплогруппы/субклада, но с возрастом 1175±1бо лет. 15 мутаций – это много, и соответствует разнице 15/0.12 = 125 → 143 условных поколения, или примерно 3575 лет. Понятно, что эта молодая осетинская ветвь не могла произойти от смешанной карачаево-балкарской и осетинской ветви, у них более древний общий предок. Он жил примерно (3575+3525+1175)/2 = 4140 лет назад. Вот этот предковый гаплотип я ранее и обнаружил в исторической Бактрии, которая, как известно, располагалась на сопредельных территориях Афганистана, Таджикистана,

Узбекистана (в их современном выражении). Поскольку племена активно передвигались в прошлом, да и в недавние времена, между Афганистаном и Пакистаном, то неудивительно, что такие же гаплотипы найдены и среди пуштунов Пакистана.

Ниже – еще несколько слайдов, приведенных в моем докладе на Конференции.

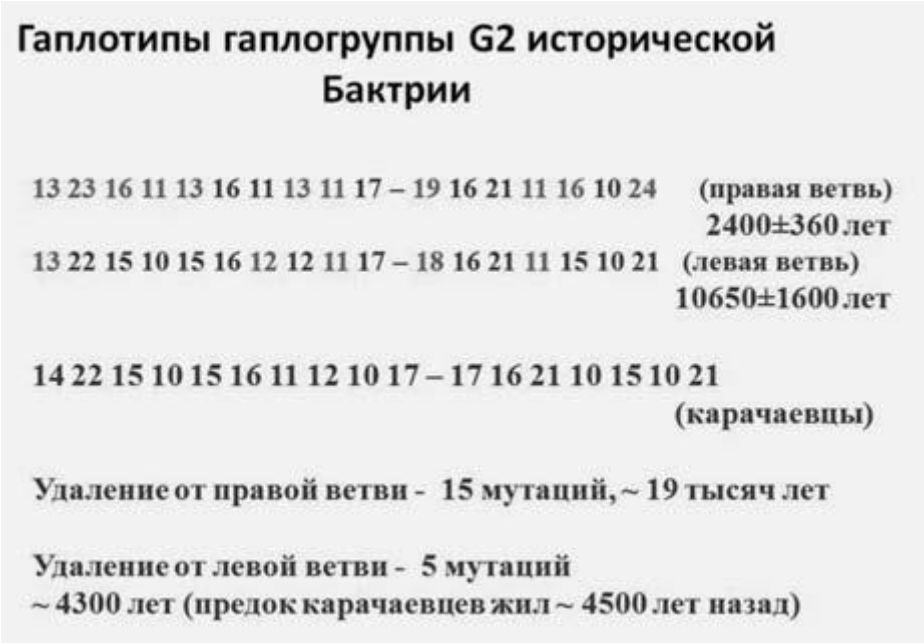
Следующий вывод – хотя треть карачаевцев и до 75% осетин имеют гаплогруппу G2a1a, они являются всего лишь отдаленными родственниками, имея общего предка более 4 тысяч лет назад. За это время язык карачаевцев стал тюркским, или язык осетин стал «иранским», с существенным местным кавказским субстратом. Какой язык имел их общий предок, мы не знаем.

Слайд 6

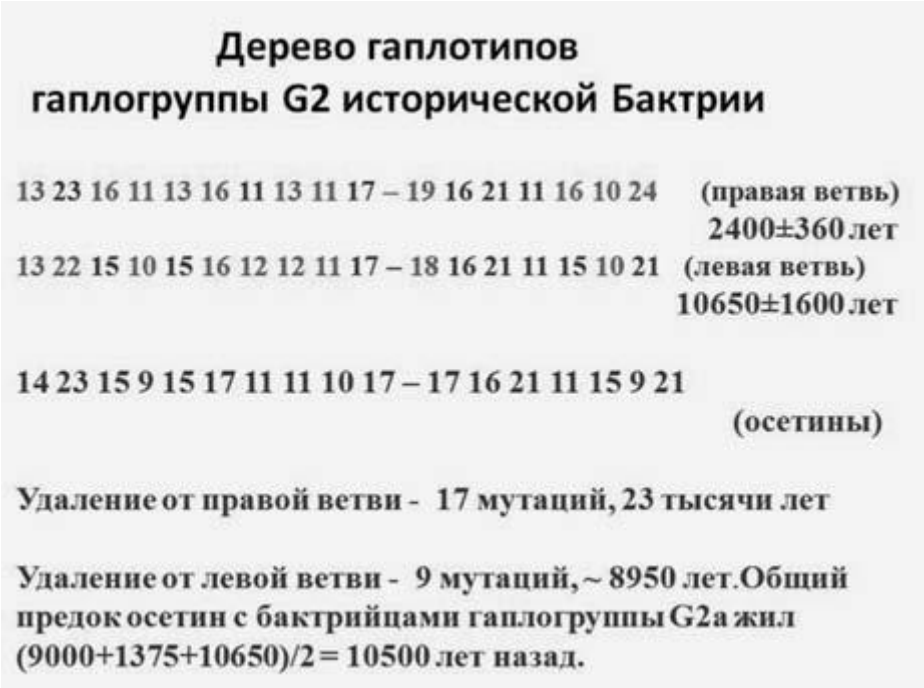
Дерево гаплотипов гаплогруппы G2 исторической Бактрии



Слайд 7

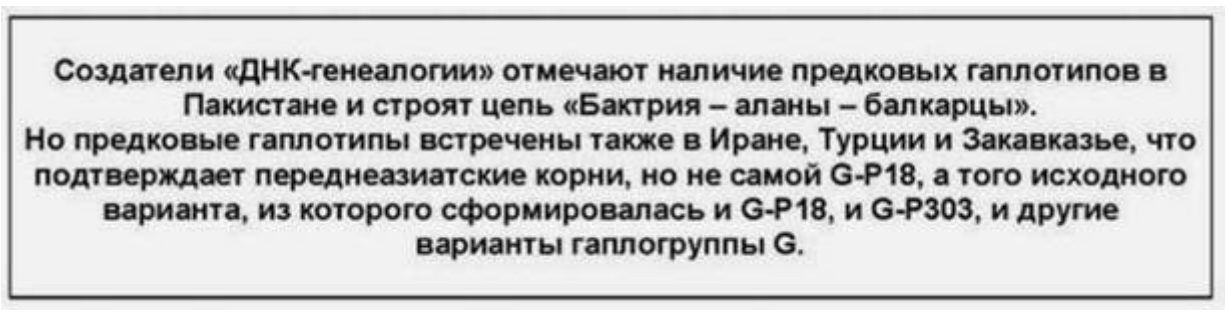


Слайд 8



Слайд 9

Балановский и здесь решил «покритиковать», показав на Конференции следующий слайд:



«Критика» здесь (как, впрочем, и везде у Балановского) вялая и несерьезная. Начнем с того, что «подтверждают переднеазиатские корни», как будто Афганистан – не Передняя Азия. В итоге забавно, что я говорю «Афганистан», «историческая Бактрия», а Балановский «возражает» – нет, это Передняя Азия. Детский сад. Я выдвигаю гипотезу, что у этих кавказских гаплотипов общий предок жил в исторической Бактрии более 4000 лет назад, показываю гаплотипы и даю датировки, а Балановский «возражает», что это была не G-P18, а ее предки, как будто это кого-то волнует в данном контексте. И вообще, это хоть как-то доказано или обосновано Балановским? Нет, конечно, это же попгенетика. Никаких гаплотипов он вообще не показал, голые слова. И потом, почему носители этих гаплотипов не могли прийти в Иран, Турцию, Закавказье, если они пришли на Кавказ? Это что, «критика»?

И вообще сам вопрос, которому Балановский уделил столько внимания на Конференции – **«G-P18 у осетин и карачаево-балкарцев: одинаковая или разная?»** при всей его (вопроса) абсурдности (да и докладчика тоже), у него ответа так и не получил. У одних одинаковая, у других разная, но понятия «одинаковая» и «разная» определения не получили. Как обычно у попгенетиков – вязко, рыхло, неопределенно, вывода нет. Ладно, не стоит внимания.

Приведу еще несколько слайдов, которые относятся к описанию карачаево-балкарцев с точки зрения ДНК-генеалогии. Содержание этих слайдов особых пояснений не требует.



Слайд 10

Род R1b - происхождение

Балкарцы – R1b-M73 (все 14 человек)
Карачаевцы – U106 – 2 чел, M73 – 3 чел, L23

Осетины – L23 – 15 чел, M73 – 1 чел, M269 - 1

12 24 14 11 11 14 12 12 12 12 13 29 – 16 9 9 11 11 25 15 19 30 14 15 16 19 – 11 12 19 23 16 16 18 18 36 37 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 11 12 22 23 16 10 12 12 15 8 12 21 22 14 12 11 13 11 11 12 12

14/6/0.09 = 26 → 27 условных поколений, или 625±180 лет до общего предка, ~ 14-й век н.э. ±2 века.

Слайд 11

Род J2a - происхождение

Балкарцы – 19 чел
Карачаевцы – 13 чел

12 23 14 10 13 16 11 15 12 14 11 30

113/32/0.02 = 177 → 216 условных поколений, или 5400±740 лет до общего предка.

Слайд 12

Ископаемые G2a в Европе

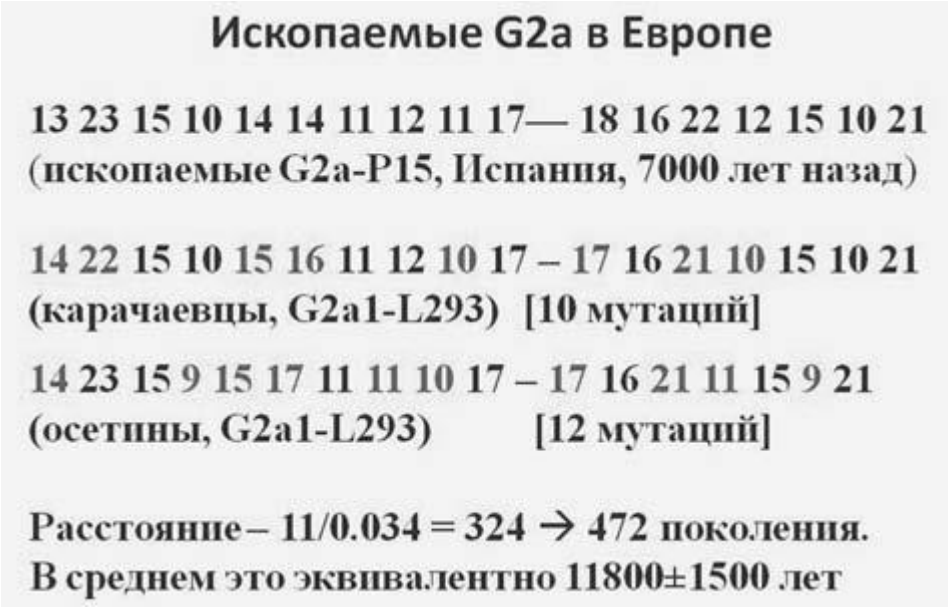
14 23 15 10 13 15 11 12 11 18 – 18 16 20 11 14 10 21
(ископаемые G2a-P15, Франция, 5000 лет назад)

14 22 15 10 15 16 11 12 10 17 – 17 16 21 10 15 10 21
(карачаевцы, G2a1-L293) [10 мутаций]

14 23 15 9 15 17 11 11 10 17 – 17 16 21 11 15 9 21
(осетины, G2a1-L293) [12 мутаций]

Расстояние – 11/0.034 = 324 → 472 поколения.
В среднем это эквивалентно 11800±1500 лет

Слайд 13



Слайд 14

ДНК-генеалогия – это вовсе не генетика, генетики так считать не умеют, им учиться надо. А они не хотят. Поэтому для них проще «накатить», типа это лженаука, потому что мы этого не понимаем.

Думаете, шучу? Взгляните на «мою» страничку в Википедии: *«Елена Балановская, заведующая лабораторией популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН, отмечает, что Клёсов эксплуатирует собранную генетиками информацию, обрабатывает её неизвестными методами и «получает красивые результаты на потребу публике».* В этой цитате – произведение глупости на некомпетентность. Да еще возведенное в квадрат, как минимум.

Продолжим в следующем разделе. Но здесь важно подчеркнуть, что за исключением всего некоторых читателей, остальные не будут и разбираться в том, что здесь представлено. Это – область научных дискуссий, как и должно быть. Но тогда вопрос – зачем Балановский с разоблачительным пафосом публично представляет данные ДНК-генеалогии как «лженауку», когда сам в вопросе не может разобраться? Да затем, что это для него не научный вопрос, это вопрос идеологический, это борьба за выживание, это борьба на «истребление», как он, видимо, полагает, это борьба для того, чтобы не расписаться в безграмотности в той науке, которую он декларирует как «свою», а значит, больше никому там места нет. Вот и весь ответ.

Мать и дитя, или школа пустого злословия

Ко дню Круглого стола на Конференции Балановские и их коллеги готовились заранее и основательно. Круглый стол назывался «Данные антропологии, генетики и ДНК-генеалогии в свете происхождения карачаево-балкарского народа». На нем были поставлены два моих доклада – один, перенесенный с пленарной сессии «ДНК-генеалогия карачаевцев и балкарцев в контексте Евразии и Кавказа», и второй, доклад Круглого стола, «Происхождение карачаево-балкарцев, осетин и донских алан по данным ДНК-генеалогии («молекулярной истории»)». К этому дню в Оргкомитет Конференции Балановской были поданы дополнительные списки на получение пропусков для посторонних людей из «команды поддержки», которым, по словам технических сотрудников Оргкомитета, была дана команда (видимо, Балановской) «валить и мочить». Возможно, это был пересказ возмущенных сотрудников Оргкомитета, но суть передана верно.



Рис. 74. Балановская Е.В. и Балановский О.П. (фото из интернета)

Тон задала С. Боринская в день пленарных заседаний. Начав с невразумительных и неуместных (для данной Конференции) рассуждений про «гены доброты» и «гены зла», она оперативно переключилась на автора настоящей статьи. Был показан мой портрет, воспроизведены названия нескольких статей, не имеющих ни малейшего отношения к тематике Конференции, но уже было ясно, что Конференция там не при чем. С возмущением было объявлено, что в 2011 году я опубликовал статью по ДНК-генеалогии в журнале «Биохимия» (Москва), «хотя биохимия не имеет к генетике никакого отношения».

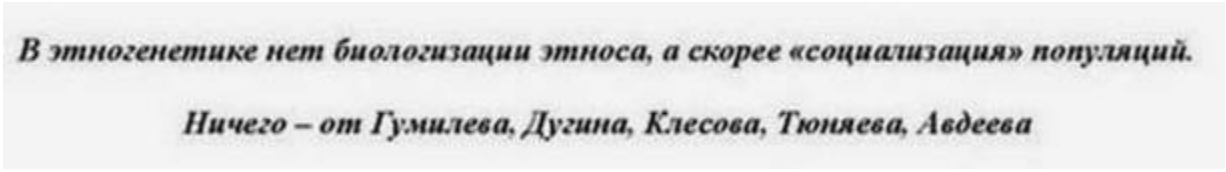
Стало ясно, что докладчица не имеет понятия, что ДНК-генеалогия к генетике отношения в самом деле не имеет. Но у популяционных генетиков обзор из-за шор узкий, и всё, что произносится о ДНК, они автоматически относят к генетике. Докладчице даже не понравилось, что я в статье в журнале «Биохимия» сослался на работы двух десятков попгенетиков, но сослался одной фразой, в которой были те самые два десятка ссылок. Она нашла уместным сравнить меня с Л.Д. Ландау, который тоже не ссылался на работы других, но при требовании сослаться (например, редактором издания) ссылался в том же ключе, сразу на всех.

Сравнение с Ландау меня не огорчило. Но это добавило к тому, что Боринская не имеет понятия о ДНК-генеалогии. Авторы, на которых я сослался, на самом деле имели относительно косвенное отношение к ДНК-генеалогии, и сослался я на них скорее из вежливости. Они не внесли никакого вклада именно в ДНК-генеалогию. А что, кто из них внес? Животовский? Андерхилл? Хаммер? Семино? Уэллс? Джоблинг? Карафет? Стоункинг? В чем именно внес? Кто из них хоть когда произвел расчеты, позволившие корректно определить время жизни общего предка, и провести разумную интерпретацию соответствующих исторических событий?

После доклада Боринской ко мне подошел глава Оргкомитета с кавказской стороны, кипя от возмущения, и сказал, что этого он так не оставит. Не для того собирали Конференцию, чтобы ее ценное время тратили на персональные разборки. Я ответил, что я не огорчен, и даже собираюсь на своем докладе выразить благодарность Боринской за пиар-сессию, теперь на мой доклад придет наверняка больше слушателей. Глава Оргкомитета попросил этого не делать.

Но было ясно, что обстановка начинает накаляться, потому что Боринская не имеет никакого отношения к ДНК-генеалогии. Это не её тема. Значит, силы начинают собираться, и они скоординированы. Боринская – лишь первая ласточка, глупых обычно посылают первыми, и смотрят на реакцию зала и руководства собрания.

Настал день Круглого стола. Первой выступала Балановская, с докладом «Вправе ли этногенетика изучать этносы?» Название, мягко говоря, глупое. Изучать вправе все и всё. Как может кто-то сказать, что такая-то наука изучать что-то не вправе? Методология может быть сомнительной, ведущей к неверным выводам. Результаты могут быть некорректными, выводы неверными. То есть только результаты могут свидетельствовать о правильности или неправильности выбранного пути. Но у попгенетики своя «ментальность», там заслоны ставятся еще в самом начале, мол, не вправе изучать. Это же видно и при их «подходах» к ДНК-генеалогии. Уже на втором слайде Балановская сбилась со своей (пустой) темы и показала следущее:

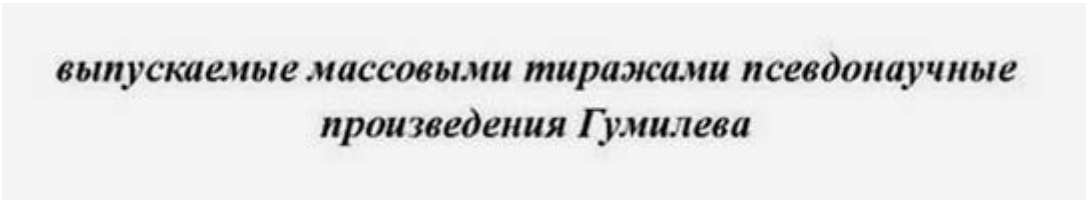


Похоже, даму заклинило. Я, признаться, не знаю, кто такие Дугин и Авдеев, но судя по набору фамилий – явно знающие, разносторонние люди. Тюняев – член Союза писателей России, Гумилев – известный историк. Я же вообще к «биологизации этноса» не имею никакого отношения. Я вообще не знаю, как это этнос биологизировать. По-моему, он, состоящий из людей, уже сам по себе вполне «биологизирован». Или он относится к неживой природе? К неорганическим материалам?

Это что, возрастной кризис? Или кризис жанра? Дальше – больше. Слайд:



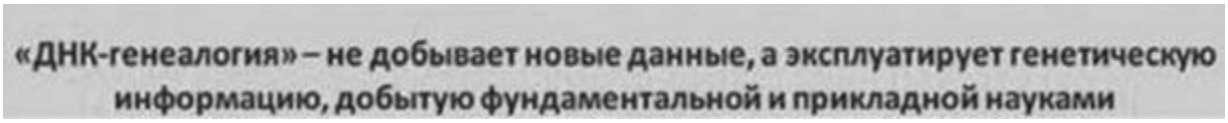
Что такое «узурпировать этнос»? Или это опять кризис? Что-то много кризисов… И – очередной:



Что-то дама сегодня на всех ополчилась. Чем ей Л.Н. Гумилев помешал-то? К тому же, давно покойный, более 20 лет назад. И после этих не вполне адекватных сентенций, Балановская перешла лично на меня, посвятив мне ни много ни мало 13 слайдов. И это на Круглом столе по карачаево-балкарцам! Ни один из тех 13 слайдов не упомянул карачаево-балкарцев, и вообще никого. Кроме, пардон, меня. Но я, опять же пардон, не карачаевец и не балкарец. В середине этих слайдов поднялся зам. Председателя Оргкомитета, доктор исторических наук М.Д. Каракетов, и попытался остановить поток сознания Балановской. Он сказал, что это не по теме. Но остановить не смог. Балановская с надрывом в голосе сказала, что этот день войдет в историю черным днем – в стенах РАН прозвучали слова «ДНК-генеалогия», и они даже оказались в названии Круглого стола! И потому она считает, что ее выступление – именно по тематике Конференции.

И дальше пошло-поехало. Видно, переживает человек… Еще бы, теснят популяционную генетику, как не переживать! А как же коммерческое тестирование, выполняемое в стенах РАМН, а именно лабораторией Балановской? С ДНК-генеалогией она же не сможет справиться, сразу станет ясно, причем всем, что профанация это, а не тестирование. Об этом я подробно писал на Переформате, «сертификаты» их приводил (см. выше в этой книге), переписываемые всем под копирку, и сколько это переписывание стоит заказчику. Всё, с ДНК-генеалогией у попгенетики этого не будет, есть за что переживать…

И дальше – гроздь безграмотных высказываний, в которых смысла нет – есть неадекватность. Например:



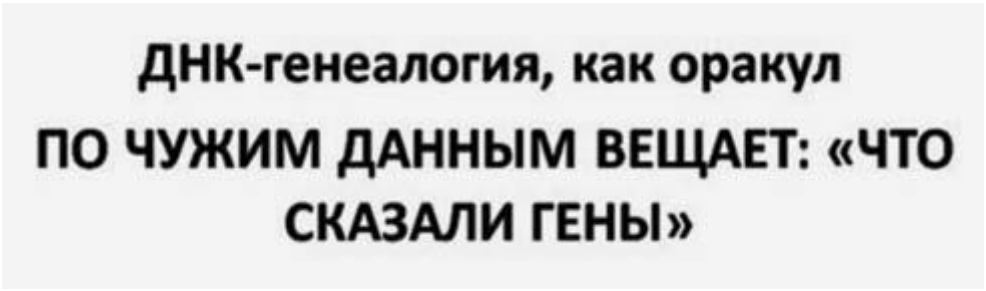
«ДНК-генеалогия» – не добывает новые данные, а эксплуатирует генетическую информацию, добытую фундаментальной и прикладной науками

Представляете – «не добывает новые данные»! Это как написать – химическая кинетика не добывает новые данные, а эксплуатирует молекулы. И астрономия – эксплуатирует чужие планеты, звезды, и прочие черные дыры. А уж квантовая механика как эксплуатирует – все, что захочет, и чем объект меньше и чем меньше может защититься – тем больше эксплуатирует.

Можно догадаться, впрочем, о том, что так косноязычно попыталась изложить д-р Балановская. Она хотела сказать примерно следующее – «*мы, попгенетики, тестируем население и определяем гаплотипы в их Y-хромосомах, но изучать их толком сами не умеем, формулы у нас какие-то кривые, выводы еще кривее. А ДНК-генеалогия знает, как с гаплотипами работать, умеет их обрабатывать, а нам завидно, что мы такие бестолковые. Мы хотим, чтобы их никто не обрабатывал, раз мы не умеем, то и никому не дадим. Нечего гаплотипы эксплуатировать!*».

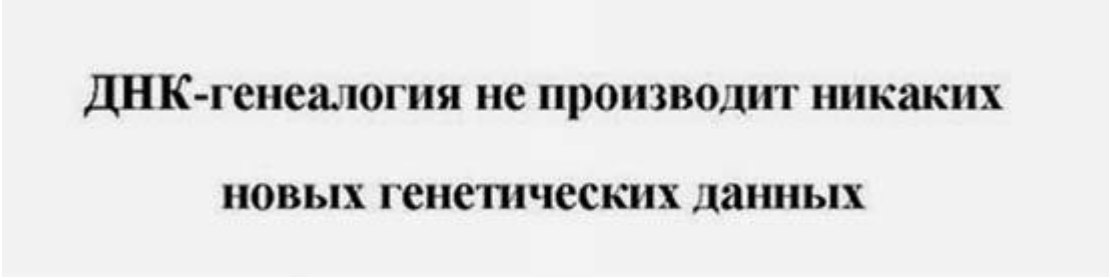
Да, грешен я. В известном фильме настройщик роялей не мог пройти мимо фальшивящего инструмента, он вытаскивал настроечный ключ и… вот так и я не могу пройти мимо топорных, фальшивящих «исследований» попгенетиков. Они просто губят массу информации, заложенной в гаплотипах. Они пишут о неком бессмысленном «разнообразии», а в гаплотипах заложена хронология, история. И я хронологию и историю извлекаю.

Но я не люблю короткие гаплотипы попгенетиков, они малоинформативны. Я предпочитаю протяженные гаплотипы, определяемые коммерческими компаниями, и выкладываемые в открытые базы данных. Или и там я «эксплуатирую генетическую информацию?» «Эксплуатирую базы данных»? Когда человек от науки далек, как Балановская, чего ему только в голову не приходит… Следующий слайд:



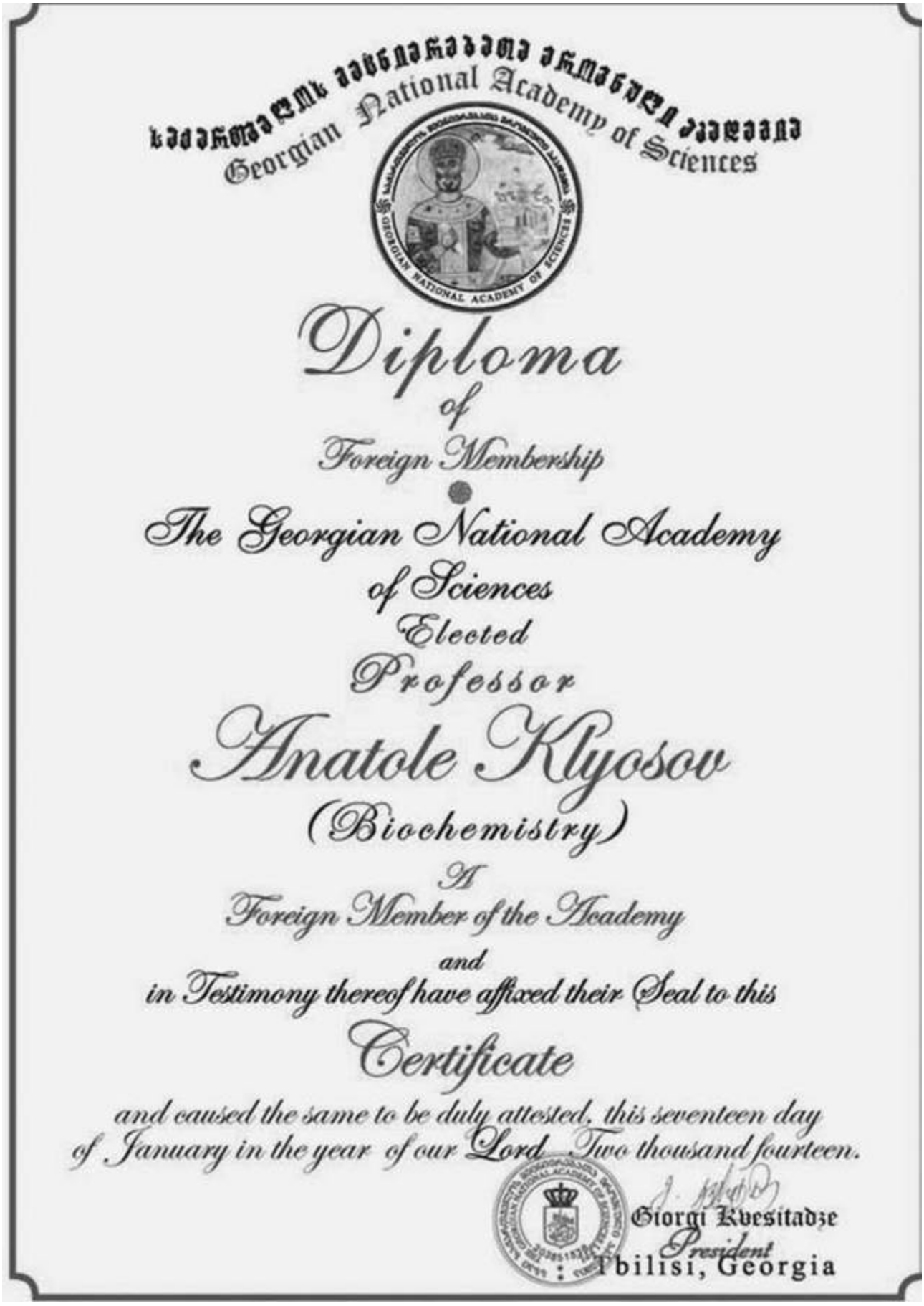
Какие гены? О чем это она? Нет никаких «генов» в ДНК-генеалогии, мы работаем с некомбинируемыми участками ДНК, а не с «генами». Или она и этого не знает? Видимо, нет, иначе не называла бы гаплогруппы и гаплотипы «генофондом». Тяжелый случай…

Следующий пассаж:



Это верно. Не производит генетических данных, ни новых, ни старых. И физика не производит новых генетических данных, и химия. А почему они должны их производить? С какой это стати ДНК-генеалогия должна производить «новые генетические данные»? Это – историческая наука, «молекулярная история», у нее другая методология, это не генетика. Но Балановская – теперь уже совершенно ясно – не знает и этого. Случай еще более тяжелый.

Следующий слайд Балановской показывает мой диплом академика Национальной академии наук Грузии:



Они, видимо, надеялись, что такого диплома в природе нет, но разыскали, сделали копию, показали на слайде – не пропадать же добру? Но показали с целью, так сказать – что

я выбран по отделению биохимии. А не по отделению генетики, или, свят, свят! – отделению ДНК-генеалогии. Видимо, по их убогим понятиям, биохимия и ДНК несопоставимы. Опять тяжелый случай.

Следующий слайд – видеоряд моего выступления в Президиуме Национальной АН Грузии, и надерганные цитаты оттуда. Удивительно, но на слайде приводится даже поминутный хронометраж моей лекции и каждая цитата сопровождается указанием времени. И это в докладе на конференции по истории и культуре карачаево-балкарцев! Надо же, как старались Балановские найти хоть какой компромат… Не нашли, правда, «но осадок у них остался». Цитаты нормальные, могу где угодно их повторить, но Балановские, обрывая цитаты в угодных им местах, заменяя слова многоточиями, пытаются добиться нужного им эффекта. Понятие «этика научной дискуссии» им неведомо. И эти люди все еще работают в академии?

Характерно, что никакой ДНК-генеалогии в надерганных цитатах не было. Не то старалась показать Балановская, что там якобы «лженаучность». Найти это она не смогла даже с хронометражем. А было отчаянное старание меня как-то очернить, подать в том виде, как хотела представить Балановская. Например, она с отметкой «25 мин» отметила в подстрочном комментарии: «Разные датировки по заказу – для верующих и атеистов». Это – после моего рассказа аудитории о том, что при прямых радиопередачах (например, на радиостанции Радонеж, где имел место рассказанный мной случай) слушатели звонят и спрашивают – как же так, вы говорите про человека 40 тысяч лет назад, а известно, что Бог создал мир и сотворил человека только 7 тысяч лет назад. Я отвечаю, что уважаю чувства и позицию людей верующих, но предлагаю отделять науку от религии. У них разные отправные положения. Я не называю верующих мракобесами, и не уверяю их, что «человек произошел от обезьяны», я уважительно обсуждаю с ними положения Библии, которую неплохо знаю. А в научной среде я говорю о человеке десятки и сотни тысяч лет назад, и о методологии таких датировок научными методами.

Иначе говоря, переходя от религии к науке, я «меняю шляпу», и не травмирую людей положениями не из их мироощущения и миропонимания.

«Я буду маневрировать между религиозными догмами и понятиями науки», цитирует мои слова Балановская – и, опять, в докладе на Конференции по карачаево-балкарцам! Балановскую мое высказывание шокирует. Она на слайте негодует – «Удивительная пластичность». Она, видимо, хочет, чтобы я людям в церкви в глаза рубил про их мракобесие и про религию как опиум народа. Но опять, при чем здесь ДНК-генеалогия?

Вот так проводится препарирование высказываний, сейчас приведу пример. В некоторых кругах известен некто Кубарев, выдающий себя за «Рюриковича». Он судится с Правительством РФ, предъявляя претензии на перевод всех Кремлей в РФ в свое частное пользование, как якобы наследник Рюрика. Ясно, что юродивый, но ему нравится, он этим живет. Несколько лет назад он, Кубарев, обратился ко мне, передав свой гаплотип, с просьбой подтвердить, что он действительно Рюрикович. Я проверил, но к князьям, членам Российского дворянского собрания, которые действительно родственники друг другу с общим предком, жившим в 9-м веке н. э. (что не противоречит тому, что они действительно Рюриковичи), Кубарев никакого разумного отношения не имел. Гаплотип Кубарева был отдален от них на тысячелетия. Кубарев на это мое заключение отреагировал истерично (видимо, действительно надеялся на поддержку науки в моем лице), и выставил на своем сайте статью **«Фюрер из Гарварда – профессор А.А. Клёсов»** . Этот заголовок и процитировала Балановская на очередном слайде.

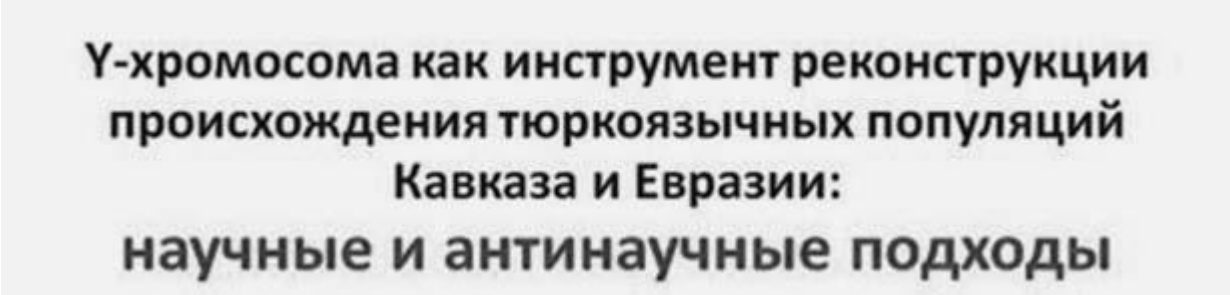
Как, не тошнит еще?

Надо сказать, что Балановская не процитировала с сайта Кубарева другую формулировку – «Фюрер славяно-монголов Анатолий Алексеевич Клёсов». Это потому, что Кубарев, претендующий на царский трон (!) презрительно считает славян монголами. Так вот, в дискуссии на страницах сайта «Родство» я справедливо назвал Кубарева самозванцем, и написал – *«Раньше как агрессивный самозванец закончили бы свои дни на дыбе, плахе или в*

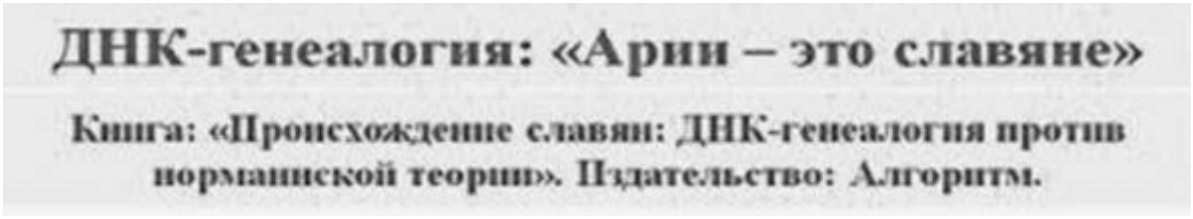
петле, а сейчас просто гуляйте с позором». Что верно, подпишусь под этими словами и сейчас. Но Балановская в своем раже дискредитировать, сделала антраша и написала на следующем слайде:



И далее – то самое про дыбу и плаху. То есть якобы это я обращаюсь к «любым критикам» с угрозами на этот счет. А мы еще удивляемся, кто это в 1930-х (и не только тогда) писал клеветнические доносы. А вот они – Балановская делает то же самое. Ходит среди нас. Ну ладно, достаточно. Переходим к аналогичному докладу Балановского. Доклад он озаглавил так:



«Антинаучные» – это, разумеется, ДНК-генеалогия. После того, что написано выше о «методологии» и «расчетах» попгенетиков, это забавно видеть. Воистину, на таком «критике» шапка горит. В самом же докладе Балановского мне уже было посвящено 17 слайдов. Взглянем на них, чтобы понять уровень «критика» и убожество, некомпетентность его комментариев. Цель одна, и отнюдь не научная – отчаянная попытка дискредитации. Не получилось, судя по возмущенной реакции аудитории… Первый же слайд:



Название слайда – ложь, причем ложь злонамеренная. В книге слово «арии» повторяется 128 раз, на 510 страницах. Ни разу – в виде «Арии – это славяне». Да и бессмысленно так говорить, поскольку арии и славяне относятся к разным историческим эпохам. Поэтому в книге по всему тексту эта генеалогическая связь (именно так – генеалогическая) идет в виде – даю примеры – «арии – потомки праславян (стр. 7), «наши предки – арии» (стр. 27), «праславяне-арии в Европе и за ее пределами» (стр. 31), «Праславяне там жили. Арии. «Индоевропейцы». Наши предки. Род R1a…» (стр. 37).

И отчего же они не потомки праславян, и не наши предки, когда арии жили на Русской равнине как минимум сотни лет, а то и тысячелетия – это зависит от того, какое определение давать «ариям» и «праславянам», и оттуда частью ушли в Месопотамию, Индию, на Иранское плато, и даже сейчас протяженные гаплотипы их потомков очень близки к нам. Эти гаплотипы продемонстрированы выше, и показано, что гаплотипы современных индийцев гаплогруппы R1a почти идентичны гаплотипам современных этнических русских той же гаплогруппы. Потому что общий предок был один и тот же, и жил он на Русской равнине в географическом понятии этого термина. Почему же они не наши предки? Но –

праславяне, а не славяне, как передергивает Балановский под видом цитирования. Или предки праславян, или их потомки – опять же зависит от определений, которых у историков пока нет.

Продолжаю цитировать книгу: «арии и славяне (во всяком случае от половины до трех четвертей славян) это один и тот же род, имевший общего предка, и языки у них обязаны расходиться из одного общего корня. Они и сейчас похожи, как видно из сопоставления русского языка и санскрита» (стр. 28).

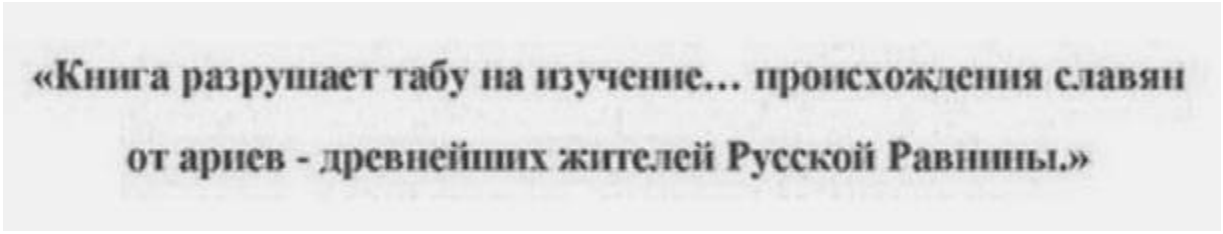
«Арии – прямые потомки тех, кто пришли на Балканы в те времена, и имеют эту характерную мутацию в своей Y-хромосоме. Естественно, понятие арии стоит относить к древним ариям, но мы, носители гаплогруппы R1a – их потомки» (стр. 91).

«Арии не могут быть заменены словом «славяне»» (стр. 264).

В ответ на столь же безграмотную критику, что «Арии замещаются словом славяне» (стр. 263), я отвечаю (стр. 263–264):

Это – очередной пример, что даже когда пишешь популярно (процитированы именно научно-популярные, а не научные статьи), многие не понимают довольно элементарных вещей. Дело в том, что даже при крайнем разжевывании не всем удается проглотить. Я уже здесь ничем помочь не могу, кроме как дать очередное разъяснение, что сейчас и делаю. **Арии не могут быть заменены словом «славяне»** , если этому не дать соответствующего определения, что такое арии и что такое славяне. Славяне, повторяю, бывают разные, в зависимости от контекста и определений. Есть славяне «лингвистические», и тогда ариями они никак не могут быть. Есть славяне, относящиеся к гаплогруппе R1a, и тогда они вместе с ариями относятся к одной гаплогруппе, к одному роду. То есть они – потомки одного и того же общего предка, предка данной гаплогруппы. Они – одного рода-племени (впрочем, здесь опять надо давать определение, что есть племя). Нельзя впустую критиковать, не определив объект критики, и не предлагая свое собственное решение.

А Балановский опять повторяет такие же безграмотные высказывания, как и цитируемый безымянный «критик». Да, собственно, сам же Балановский цитирует на том же слайде аннотацию Издательства:



«Происхождения от ариев», понятно? И тут же якобы «цитирует»: «Арии – это славяне». И такой работает в науке. Так что уже ясно, какие труды выходят от него, когда его стихия – вот такие передергивания.

Все остальное – в том же духе. Балановский не знает относительно недавних данных по динамике гаплогрупп, в частности,

R1a и R1b (и других гаплогрупп – E1b, G2a, I1a, I1b) в Европе в III тыс. до н. э., и что с ними произошло в ходе заселения эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, в ходе того же III тыс. до н. э., и почему они все оказались на периферии Европы и за ее пределами, пройдя бутылочное горлышко популяции. Ему надо, как говорится, учить материальную часть. Или читать ненавистный ему журнал **Advances in Anthropology** . Или хотя бы Переформат, по-русски ему легче… Следующий слайд:



Кое-что здесь верно, остальное передернуто или изложено с ошибками. **То, что является разделом НЕ популяционной генетики, а химической кинетики** – правильно. Наконец-то до Балановского дошло.

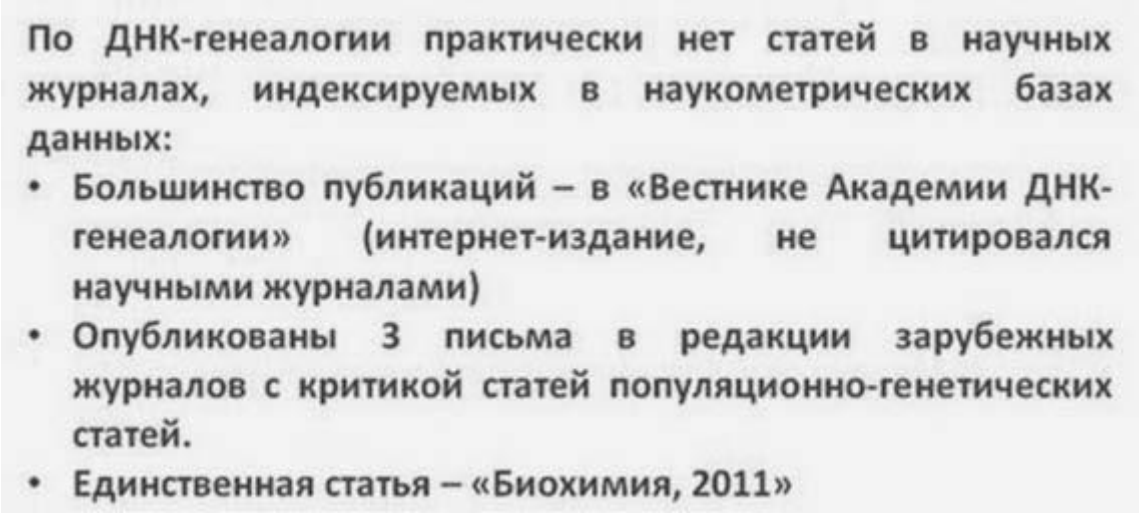
Про «высокоточный метод» – Балановский сам придумал. Он, метод, не «высокоточный», он приемлемый на данном этапе развития науки. Когда попгенетики (в частности Wells, Semino) утверждают, что носители гаплогруппы R1b жили в Европе 30 тысяч лет назад, а ДНК-генеалогия показала, что они прибыли в Европу примерно 4800 лет назад (на Пиренеи, и 4500 лет назад со стороны Малой Азии и понтийских степей), то для опровержения попгенетиков не понадобились «высокоточные методы». Речь здесь – о концептуальных положениях. Сила ДНК-генеалогии – в новых концептуальных положениях, точность датировок – до 100, 200, 500 лет, в зависимости от анализируемой системы гаплотипов. Это вряд ли можно назвать «высокоточно-стью», но для решения большинства принципиальных вопросов истории, решаемых ДНК-генеалогией, достаточно. Например, то, что среди этнических русских, украинцев, белорусов практически нет потомков скандинавов, напрочь отвергает «норманистскую теорию», и высокоточность там не нужна. Там важен концептуальный вывод и его обоснование. Но Балановский с концептуальными выводами дела не имеет, для него недосягаемая вершина – «высокоточность», его ментальность этим и ограничивается. Популяционная генетика.

То, что **ДНК-генеалогия реконструировала пути некоторых древних миграций** – это факт, и данные опубликованы в научной печати. Это и миграции носителей R1a, и R1b (эрбинов), подтверждением чего послужила идентификация ископаемой гаплогруппы R в Южной Сибири с датировкой 24 тыс. лет назад. Это выявление близких связей между носителями гаплогруппы G2a в Южной Франции (датировка 5000 лет назад) и донских алан (датировка 1250 лет назад), о чем сообщалось на Конференции в Москве в конце ноября 2014 года. Это и миграционный путь культуры колоколовидных кубков (ККК) с Пиреней в континентальную Европу, что уже принято в западных научных кругах (российские пока

медлят), и подтверждено ископаемыми гаплотипами – пока все ископаемые гаплотипы ККК оказываются носителями гаплогруппы R1b[257]. Это миграционный путь угров с северного Урала в Прибалтику, и расхождение их на две ветви – финскую и южно-балтийскую, с хронологическими расчетами.

Это и многое другое. Балановский, судя по всему, не в курсе, он, похоже, литературу не читает и литературы не знает.

Обеспечила синтез антропологии, лингвистики и археологии – здесь Балановский, как обычно, передергивает. Это – цель, задача. Пока, конечно, не обеспечила, так что «заявляет о себе» – это ложь, как обычно… Следующий слайд Балановского:



По ДНК-генеалогии практически нет статей в научных журналах, индексируемых в наукометрических базах данных:

• Большинство публикаций – в «Вестнике Академии ДНК-генеалогии» (интернет-издание, не цитировался научными журналами)

• Опубликованы 3 письма в редакции зарубежных журналов с критикой статей популяционно-генетических статей.

• Единственная статья – «Биохимия, 2011»

Полагаю, что у многих читателей нарастает возмущение, наряду с презрением в адрес д-ра Балановского. Это что, тема доклада по карачаево-балкарцам в РАН в Москве?

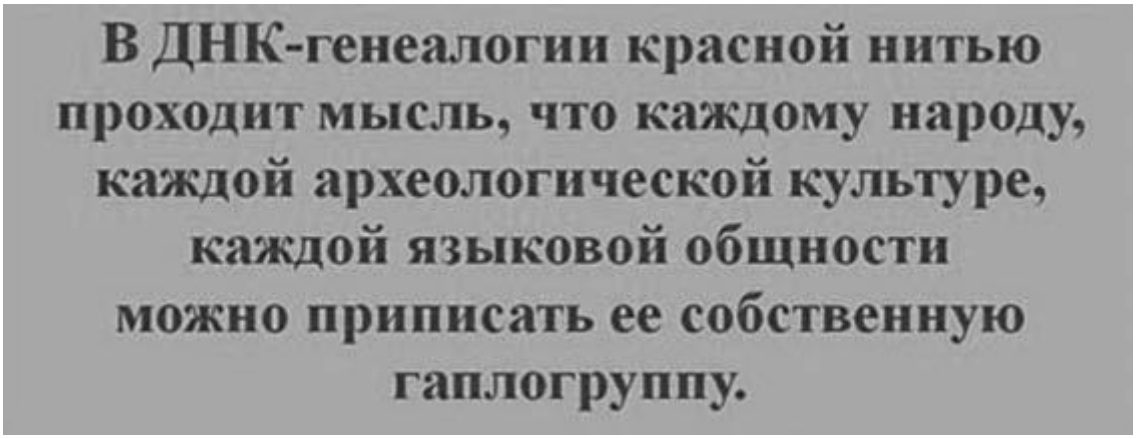
Первое положение – ложь, в том отношении, что «не цитировался». Этот вопрос подробно обсуждался выше. Цитировался, и немало. В том числе и статьи в Вестнике Академии ДНК-генеалогии. «Единственная статья – «Биохимия, 2011». Ложь опять. Выше, в разделе о цитируемости, журналы перечислены. «Опубликованы три письма»… Ах, как отчаянно хочется Балановскому принизить чужой вклад. Первое – не «письмо», а комментарий на 6 журнальных страницах, полномасштабная статья (2009), описывающая методологию ДНК-генеалогии, с формулами и иллюстрациями. Второе «письмо» – статья в Eur. J. Human Genetics, принципиального характера, о датировке древнейшей гаплогруппы A00 Y-хромосомы. Третья – мой редакторский развернутый комментарий на пяти журнальных страницах в отношении ДНК-истории Африки. Так что и этот слайд Балановского полностью провалился… Следующий слайд Балановского:

---

257 Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N., Mallick, S., Patterson, N., Roodenberg, S.A., Harney, E., Stewardson, K., Fernandes, D., Novak, M., Sirak, K., Gamba, C., Jones, E.R., Llamas, B., Dryomov, S., Pickrell, J., Arsuaga, J.L., de Castro, J.M.B., Carbonell, E., Gerritsen, F., Khokhlov, A., Kuznetsov, P., Lozano, M., Meller, H., Mochalov, O., Moiseyev, V., Guerra, M.A.R., Roodenberg, J., Verges, J.M., Krause, J., Cooper, A., Alt, K.W., Brown, D., Anthony, D., Lalueza-Fox, C.L., Haak, W., Pinhasi, R., Reich, D. (2015) Eight thousand years of natural selection in Europe. bioRxiv preprint posted online March 14, 2015; doi: http://dx.doi.org/10.1101/016477.



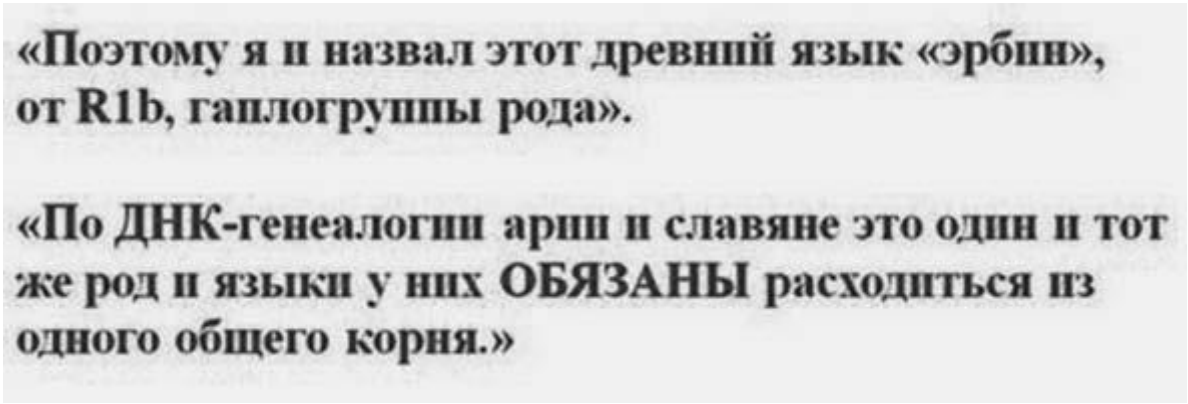
Опять – как же тужится Балановский, чтобы хоть как-то придать вид низкой значимости методологии ДНК-генеалогии… Это какие же «многие методы датировок» известны в популяционной генетике? Что такое «неоптимальная логарифмическая формула»? Что за «калибровка, совпавшая с уже известной»? Опять сплошная ложь. Возможно (и определенно) полная некомпетенция, безграмотность. Ранее я показывал, что за «методы датировок» используют в попгенетике, и к чем это приводит. К мусору, которым заполняют журналы… Следующий слайд:



Опять ложь. Возьмем русский народ – какую «собственную гаплогруппу» мы ему приписываем? Да никакую, у русского народа их много. Основные (по численности) – R1a, I2a, N1c1, I1, и еще десяток-полтора минорных, не считая десятки совсем малых. Возьмем карачаево-балкарцев – три основные гаплогруппы: R1a, G2a, J2, и еще целый ряд минорных. Возьмем индийский народ – там вообще целый спектр гаплогрупп, наиболее представительные – H, R1a, R2, L… И так – у каждого народа. Зачем лгать-то Балановскому? А так, натура такая.

То же самое и у археологических культур. «Приписываем» только те гаплогруппы, которые фактически нашли. У шнуровой керамики – пока только R1a, у культуры

колоколовидных кубков – пока только R1b[258], в синташтинской культура – R1a.В салтово-маяцкой культуре уже нашли G2a, R1a, J2, и неудивительно, там полиэтничная культура, находят и европеоидные, и монголоидные скелетные останки. Тот же слайд, продолжение:



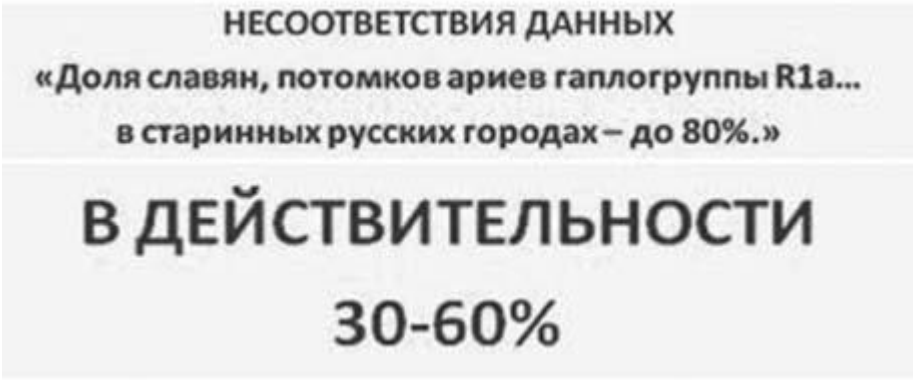
Ну и что здесь странного или непонятного? Назвал носителей гаплогруппы R1b эрбинами, название удачное, уже многие используют, и их древний язык тоже эрбином. Балановского «колбасит», потому что он никогда ничего своего не придумывал и не предлагал, у него всё «чего изволите?» и «кушать подано». Оттого и ненависть «низковольтного» человека.

Что же касается одного корня, это же просто по определению. Гаплогруппа или субклад возникают в виде определенной новой мутации у одного человека, патриарха рода. Он по определению говорил на каком-то языке. На том же языке говорят его дети и дети их детей. Далее языки могут расходиться со временем на ветви, при физическом удалении потомков друг от друга, или по законам глоттохронологии, или по другим причинам. Поэтому языки расходятся от одного корня. Обязаны расходиться от одного корня.

Проблемы с «серыми», каковым является Балановский, в том, что они даже «критикуя», ничего своего не предлагают. Это и есть главный признак «серых». Балановский на следующем слайде ерничает, что в 2010 году я придерживался «африканской теории происхождения современного человека», а в 2013 году ее стал критиковать. Для «серого» Балановского, который никогда и ничего своего не предложил, это удивительно. Мол, как же это можно что-то новое предложить, от старого отойти. Так это и есть наука, но лаборанту до мозга костей, Балановскому, это неведомо. Я придерживался, потому что этим не занимался, и брал утверждения генетиков на веру. А когда сам посмотрел, то понял, что там карточный домик, построенный на песке. Махинации и подгонки под заранее сформулированный постулат «выхода из Африки», а постулат сформулирован на основе грубых ошибок и приближений. Потому и стал критиковать, потому что это не наука, а чистая идеология. Или религия, что одно и то же в этом контексте… Очередной слайд Балановского:

---

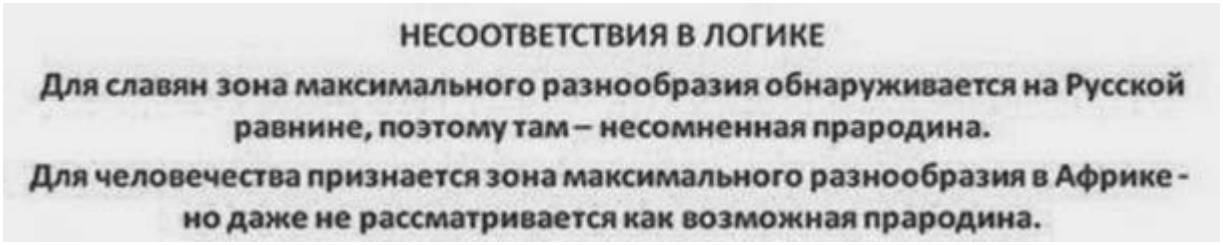
258 Lee, E.J., Makarewicz, C., Renneberg, R., Harder, M., Krause-Kyora, B., Muller, S., Ostritz, S., Fehren-Schmitz, L., Schreiber, S., Muller, J., von Wurmb-Schwark, N., Nebel, A. (2012) Emerging genetic patterns of the European Neolithic: perspectives from a late Neolithic Bell Beaker burial site in Germany. Amer. J. Phys. Anthropol. 148 (4) 571–579.



Опять поразительная некомпетентность. Например, в «моем» фамильном селении Клёсов Курской области до недавнего времени жили одни Клёсовы, все гаплогруппы R1a. Так что имеем 100 % гаплогруппы R1a. До 80 % – вообще не проблема. Но Балановский, «серый», мыслит (если это слово к нему применимо) гладкими шаблонами. Я же не писал – в среднем по стране. Я на самом деле писал, цитирую: *«Восточные славяне – это род R1a. Их среди жителей России, Украины, Белоруссии – от 45 % до 70 %. А в старинных русских и украинских городах, городках, селениях – до 80 %»* (книга «Происхождение славян», стр. 9). Но Балановский и здесь смошенничал – обрезал цитату, добавил «ариев», и выкинул слова. Ну это уже никого не должно удивлять – мошенник и есть мошенник… Следующий слайд:



Снова поразительная некомпетентность. РАН никогда книги в печать не рекомендует. Что, Президиум АН должен рекомендовать? Что такое «РАН не рекомендовала»? На самом деле у издательств свои критерии. Если рецензия дается сотрудником РАН, доктором наук, профессором, и дается на бланке Института РАН, это и есть рекомендация РАН. Так оно и было. Фамилии, должности и места работы рецензентов приведены в книге. Следующий слайд:



Час от часу не легче. Казалось бы, предел глупости и некомпетентности Балановским уже давно достигнут, но с каждый слайдом он, так сказать, крепчает. Для начала, что такое «зона максимального разнообразия для славян»? Что такое вообще «разнообразие славян»? Это о какой гаплогруппе речь? У славян же – разные гаплогруппы. Уже «стремительным домкратом» упала бессмысленность изречений Балановского. Никогда я такого не писал и не мог писать. Опять передергивания и подтасовки Балановского.

Далее, никогда я не писал, что Русская равнина – прародина славян. Если речь идет о гапплогруппе R1a, то она вышла, видимо, из южной Сибири. Да и то носители ее были вовсе не славяне. Если это гаплогруппа I, то ископаемые ДНК гаплогруппы I с датировкой 7000 лет назад найдены в Люксембурге и Швеции. Не Русская равнина и не славяне. Поэтому первая фраза Балановского – откровенная глупость. Вторая – глупость не меньше. При чем здесь разнообразие? В Москве – максимальное разнообразие в России, и что? Москва – прародина русских?

Надо Балановскому хоть немного подучиться знаниям, что ли. Логика тоже бы не помешала. Разнообразие принимается к рассмотрению только в замкнутых системах, каковой ни Русская равнина, ни Москва, ни Африка не являются. Или в приближении замкнутой системы, как правило, в пределах одной гаплогруппы. Опять же, ни на Русской равнине, ни в Москве, ни в Африке только одной гаплогруппы нет. Поэтому «максимальное разнообразие» там – не аргумент. В Африку приходили за десятки тысяч лет кто угодно и откуда угодно, неизбежно увеличивая «разнообразие». Только что опубликована очередная статья по геному некоторых африканских племен, где показано, что те, кого принимали за «чистых африканцев», таковыми не являются. Их предки прибыли из Азии несколько тысяч лет назад[259]. Наиболее представленная гаплогруппа в Африке – это вообще неафриканская (по происхождению) гаплогруппа E, как показывает диаграмма хронологии гаплогрупп[260]. Так что и вторая фраза Балановского – непроходимая глупость. Но это краеугольный камень популяционной генетики. Выводы очевидны, говоря языком Балановских – популяционная генетика – не наука. И это, пожалуй, так. И даже без «пожалуй»… Следующий слайд Балановского:

[259] Llorente, M.G., Jones, E.R., Eriksson, A., Siska, V., Arthur, K.W., Arthur, J.W., Curtis, M.C., Stock, J.T., Coltorti, M., Pieruccini, P., Stretton, S., Brock, F., Higham, T., Park, Y., Hofreiter, M., Bradley, D.G., Bhak, J., Pinhasi, R., Manica, A. (2015) Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture throughout the African continent. Science DOI: *10.1126/science.aad2879.*

[260] Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. Advances in Anthropology, 2, No. 2, 80–86.



Верхняя часть – все правильно, как в книге и написано. Только Балановский в своей вечной неряшливости и название книги перепутал. Книга называется «Происхождение славян» (М., 2013), а подзаголовок – «ДНК-генеалогия против «норманнской теории». Нет там «или». Балановский как истый норманист (и странно было бы, если не так, поскольку ему славяне покоя не дают, особенно, их древнее происхождение, древнее евреев, ну как это пережить!), не может вынести, что Рюриковичи – потомки славян. Казалось бы, какая ему разница, но пепел стучится в сердце, не дает покоя: как же это славяне без скандинавов сами справились, а потом и приложили последним под Полтавой по самое не могу.

Вот и здесь – не разбирается, а туда же, пишет «на самом деле». Ветвь N1c1, к которой относятся члены Российского дворянского собрания, предположительно Рюриковичи, имеют сугубо южно-балтийскую, славянскую структуру гаплотипов, принципиально отличную от финнов. Об этом я подробно писал в той самой книге «Происхождение славян». Балановский просто не в теме, как обычно. Повторять главу из книги я здесь не буду, просто поясню, что у всех предполагаемых Рюриковичей базовый (предковый) 67-маркерный гаплотип следующий:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 16–18 **9 9** 11 12 25 14 19 28 **14 14**

15 15 – 11 11 18 20 14 15 16 19 34 34 15 10–11 8 15 18 8 8 10 8 11
10 12 20 22 14 10 12 12 18 7 13 21 21 16 12 11 10 11 11 12 11

У него два признака, характерных для южно-балтийских, славянских гаплотипов: 9–9 и 14-14-15-15 (выделены в гаплотипе выше). Вот и эти признаки у князей, предполагаемых Рюриковичей:

Гагарин	9-9, 14-15-15-15
Кропоткин	9-9, 14-14-15-15
Хилков	9-9, 14-14-15-15
Пузына	9-9, 14-14-14-14
Путятин	9-9, 14-14-15-15
Вадбольский	9-9, 14-14-15-15
Шаховской	9-9, 14-14-15-15
Массальский	9-9, 14-14-15-15
Ржевский	9-9, 14-14-15-15
Лобанов	9-9, 14-14-15-15
Корибут	9-9, 14-14-15-15

Кривые зеркала «философа» Лебедева

Я, признаться, думал, что последними очерками закончу персональные разборки пасквилянтов Балановских, хотя эти очерки были, на мой взгляд, вполне информативными. Я полагал, что после этого смогу в полной мере (насколько возможно) вернуться к своим давно задуманным статьям и книгам и к другим планам, отодвинутым бесстыдным и оголтелым накатом Балановских и Боринской на ДНК-генеалогию. К сожалению, такой возможности у меня пока не оказалось. Перед новогодними праздниками 2014–2015 гг ко мне пошли письма читателей и приятелей, что Лебедев меня «опять любит», и поскольку он, видимо, не ознакомился с теми последними статьями про попгенетиков, и списал у них все те же пассажи, которые я опрокинул в последних «разборках».

Оказалось, что на днях я удостоился быть первым лицом в **очередной статье В. Лебедева** в его бостонском альманахе «Лебедь». Мне не привыкать, Лебедев мой персональный биограф в течение последних десяти-пятнадцати лет, хотя мы с ним лично знакомы около четверти века, со времени его прибытия в Бостон из Москвы. В Москве Лебедев преподавал философию в Физтехе, был доцентом, но в конце 1980-х стал позволять себе вольности в высказываниях, непозволительные (по представлениям политического начальства) для штатного философа, и страну покинул, обосновался в Бостоне, рядом с родственниками, прибывшими ранее. С тех пор ни дня там не работал, да и кем советский философ в США мог бы работать? Переучиваться, осваивать новую специальность не захотел, предпочел вот уже четверть века сидеть на социальном пособии и ненавидеть тех, кто оказались в США более востребованными. Помимо того, постепенно стал категоричным русофобом и славянофобом, о чем и пишет те самые четверть века в альманахе «Лебедь», который сам и создал. Да, наверное, русофобом не стал, а был изначально, потому что Лебедев – завзятый норманист, то есть считает, что Русь создали скандинавы, по той простой причине, что славяне были примитивны, тупы, неспособны ни к какому делу, и уж тем более создать государственность. Сейчас Лебедев в своих статьях активно обсуждает невыносимость «аннексии» Крыма, злой умысел в гуманитарных конвоях в Новороссию, экономический обман Украины Россией, агрессию России, невыносимость России вообще, его личное отвращение к демонстрации «Бессмертный полк» в Москве 9 мая 2015 года, и так далее.

В общем, ничего интересного или необычного в этом нет. Много и норманистов, и русофобов, и ненавистников современной России (как, впрочем, и России любого другого времени), и сидящих на социальных пособиях, и завистников ко всем успешным людям, и прочих. Обсуждать это неинтересно. Если кратко, то Лебедев – это никто, своего лица у него нет. Есть сотни пасквилей, написанных за четверть века, но кого это интересует? Поэтому когда несколько человек написали мне о выходе очередного пасквиля Лебедева, я его и читать не стал. Я мог заранее предсказать, что там будет, потому что у Лебедева всё это уже было. Он постоянно повторяется, потому что давно исчерпался, усох. Впрочем, я знал, что добавилось нечто новое – а именно, материалы о попгенетике, о которых он прочитал в последнее время у попгенетиков же, и что он, конечно, не преминул их использовать для очередной своей «нетленки», коих обо мне у него уже было множество. Ясно, что он «мстительно» напишет, что попгенетика – это настоящая наука, победно ведомая Балановскими, а ДНК-генеалогия – это опиум для народа. Впрочем, это он много писал и раньше, только без упоминания попгенетики. Теперь он использует очередной «козырь». Поэтому и читать не стоит.

Однако вчера ко мне обратился один из редакторов сетевого издания, сообщив, что пришел запрос от читателя со ссылкой на последнюю, новогоднюю статью Лебедева, с просьбой дать ей, статье, оценку. Так что статью пришлось прочитать, и удостовериться, что там все именно так, как я и предсказывал. Поэтому я ограничился тем, что дал общий комментарий, что не обращаю на это внимания и другим советую то же, и дал пару разъяснений. В самом деле, какой смысл мне жестко брать Лебедева за ухо и водить его в таком виде по паркету взад, вперед и по кругу? Что это даст? Показать еще раз, что он прощелыга? Это неинтересно. Как-то не творчески.

Но редактор предложил мне дать более развернутый комментарий информационного характера по тем темам, которые затронул Лебедев. А именно, что за «доски из каких-то бумажных отходов», что за «лекарство, уменьшающее побочные последствия химиотерапии», что за «Даванат», и вообще, рассказать про мои научные исследования «до ДНК-генеалогии». Это, по его мнению, могло бы быть интересно. И заодно показать, как продажный журналист извращает реальную картину событий, и «сгибает» ее под свою «концепцию». В данном случае – что я, академик Национальной академии А.А. Клёсов, форменный лузер, и никаких научных и вообще никаких достижений у меня нет. Правда, темы академика Лебедев не касался, это для него невыигрышный аспект. Предпочел умолчать.

Я посмотрел на статью Лебедева под этим углом, и, действительно, увидел много интересного в форме «обработки» и «подачи» материала Лебедевым. Что-то отражает его полную безграмотность и некомпетентность, что-то – злой умысел, что-то – фундаментальное непонимание простых вещей американской деловой и научной жизни, что-то – его внутреннюю мерзопа-костность. И действительно, откуда Лебедеву знать про деловую и научную жизнь в США, когда он «изнутри» не видел ни то, ни другое. Поэтому Лебедев излагает их «по понятиям советского философа», но философа злобного, ангажированного, желудоч-но и материально неудовлетворенного. Ему так «кажется», и он торопится поделиться этим «кажется» с читателями. Но при этом он умышленно умалчивает одно, выпячивает другое, а именно своё «кажется», подаваемое как якобы факты, а также полностью извращает третье. Действительно, показать это на конкретных примерах могло бы быть интересным и информативным.

Про самого Лебедева я писать уже не буду, он того не стоит, потому что никто. Напишу про то, что есть и было в научном и деловом мире с моим участием, и как это подано в кривых зеркалах бессовестно лживой «журналистики». Выберу то, чему Лебедев уделил особенно много внимания – моей работе в Гарвардском университете, далее – созданию новых композиционных материалов, созданию новых лекарственных препаратов, динамике акций американских компаний и о чем говорят их взлеты и падения, и о создании жупела «лженауки» ангажированными, продажными журналистами, как правило, некомпетентными

в том, что они «атакуют».

Должен сказать, что все эти вопросы рассмотрены в моей книге «Интернет. Заметки научного сотрудника» (изд-во Московского университета, 2010), во многом автобиографической, но книги объемом более чем в 500 страниц далеко не все читают. Многое, хотя и в сжатом виде, описано в этой книге в части II «Личное». Поэтому я буду давать относительно короткие сведения, а затем за подробностями отправлять к указанным выше источникам.

Компания Galectin Therapeutics

Начну с наглядного примера жульничества Лебедевым – при описании им динамики акций компании Galectin Therapeutics, и описанием им того, что кроме как горячечным бредом не назвать – якобы «бегстве компании в Атланту», спасаясь от судебных исков. Дело в том, что в США «бегства» работающих компаний бессмысленны, потому что ни судебную систему, ни правительство, ни федеральные налоговые органы не интересует, где находится главный офис компании. Куда бы компания не переезжала, она находится в той же финансовой, юридической и административной системе. Либо Лебедев не имеет об этом понятия, либо просто лжет, потому что натура такая.

Теперь по порядку, хотя и кратко. Компания была создана тремя людьми в 2000-м году, один из них финансист, другой организатор, третий научный сотрудник. Стала «публичной» компанией в следующем году, и за прошедшие 15 лет получила от инвесторов около 100 миллионов долларов, на которые проводились и продолжают проводиться клинические испытания кандидатов в лекарства. Противораковые испытания успешно завершились окончанием 2-й клинической фазы, и ожидают 3-й фазы, на которую нужно не менее 70 миллионов долларов. В настоящее время идут клинические испытания (2-я фаза) на фиброзах печени (в частности, неалкогольного стеатогепатита, или жирового перерождения печени), переходящих в цирроз печени, и для лечения которых лекарств на рынке нет. Практически единственная мера – это пересадка печени, чего люди ожидают долгими годами, многие не доживают.

Дела в компании идут нормально, и если в конце 2013 года в активах компании оставалось 10.5 миллионов долларов (наличными, cash), то в конце 2015 года – 21.3 миллиона долларов. Желающие могут узнать все эти и другие подробности на сайте компании[261]. Желающие увидеть на сайте компании мою фамилию – посмотрите на научный совет компании[262]. Там я обозначен под титулом «почетный основатель» компании. Совет директоров компании. Для любопытных – в совете директоров есть Gilbert F. Amelio, Ph.D., фамилия которого известна многим специалистам по компьютерам, и не только. Читаем: Cha1rman, President and CEO of National Semiconductor (1991–1996) and Apple Computer (1996–1997). То есть он был президентом компании Apple, и Стивен Джобс работал под его началом. Сами понимаете, такие опытные и известные специалисты в компании, как Galectin Therapeutics, случайно не приходят.

Теперь о том, цитирую Лебедева – «Именно 24 июля (2014 года) произошла подача иска по поводу финансового мошенничества компании «Galectin Therapeutics Inc.». Лебедев, прожив четверть века в США, так и не усвоил, что «мошенничество» может доказать только суд. Поэтому в США в исках слова «мошенничество» быть никак не может. Суд может и отклонить все иски, и что тогда делать с Лебедевым и его «мошенничеством»? Кстати, недавний иск суд отклонил 14 апреля 2014 года. Лебедеву хорошо бы усвоить про презумпцию невиновности, похоже, что это понятие ему чуждо.

На самом деле Лебедев и здесь перепутал, или соврал, или ничего не понял. Занятно,

---

261 http://galectintherapeutics.com/.

262 http://galectintherapeutics.com/who-we-are/scientific-advisory-board/.

как Лебедев искал компромат для своего пасквиля. Надо же – полез искать компанию *на сайте, отслеживающем положение акций на рынке.* Но не помогло, все равно перепутал.

Вот так это было. 24 июля 2013 года президент нашей компании сделал доклад на всеамериканскую сеть о промежуточных итогах 1-й фазы клинических испытаний кандидата в лекарства против фиброзов печени. Держатели акций полагали (совершенно безосновательно), что им объявят о том, что лекарство создано. Но так на 1-й фазе не бывает, это фаза, на которой проверяется только безопасность препарата в клинике. Только и всего. Вот безопасность и была продемонстрирована. При этом было честно сказано, что до самого лекарства нужно пройти еще фазы 2 и 3, так что это будет не скоро. Часть держателей акций тут же, не дожидаясь завершения доклада, стали сбрасывать акции, и они упали с 15 долларов до трех. Те, кто дослушали доклад до конца, заглянули в комьютеры и увидели, что стоимость акций упала в пять раз, понятно, расстроились, и некоторые пошли подавать судебные иски, требуя возврата денег. Естественно, для этого нужно обоснование, и несколько групп «соискателей», объединившись, заявили, что их ввели в заблуждение, и что они еще вчера купили «за три», полагая, что сегодня будет «по пять». Точнее, наоборот, вчера купили за 15, полагая, что сегодня будет по 30, а оказалось, что по три.

В общем, россиян такими вещами не удивить, многие покупали-продавали акции. И знают, что акции имеют обыкновение скакать, на этом люди умелые или информированные делают деньги. Лебедев же никогда акции в руках не держал, на социальном пособии не разгуляешься. Поэтому у него представления люмпена – раз акции упали, значит, «мошенничество».

Поднялись – тоже «мошенничество». Ментальность такая, люмпенская.

Более того, он, конечно, умолчал, что в 2009 году, шесть лет назад, акции компании шли по восемь центов. Это было тогда, когда компания объявила о завершении фазы 2-й испытания противоракового препарата под названием Даванат (кстати, название образовано от имен Давид и Анатолий). Лебедев тогда ликовал, считал дни до того, как компания полностью ляжет на дно. Но не легла, через пять лет акции поднялись до 19 долларов за штуку. Лебедев тогда слова не молвил, радости не проявил. В июле 2013-го акции понизились до 3 долларов, в течение последнего года колеблются от 2 до 6 долларов за акцию. Лебедев ликует, умалчивая, что это в 25–50 раз выше, чем шесть лет назад. Вот такой классовый подход. Если фаза 2-я испытаний противофиброзного препарата закончится успешно, то, как предсказывают финансовые аналитики, акции будут как минимум по 28 долларов. Лебедеву опять будет плохо. Но испытания могут закончиться и неуспешно, тогда Лебедеву будет опять хорошо. В смысле, что противофиброзного-противоциррозного препарата не будет, или его создание отодвинется. Лебедеву остается пожелать, чтобы он помер не от болезни печени.

А то, что компании судятся – это совершенно обычное дело, это только Лебедев считает, что это всегда «мошенничество». Акции упали – кто-то подает в суд. Акции поднялись после того, как кто-то неудачно продал – подает в суд. Акции поднялись – конкуренты подают в суд, пытаясь отспорить права на патенты и прочие разработки. Но Лебедев видит в этом только «мошенничество». Мозг у него так устроен.

Акции и доходы

Теперь, поскольку Лебедеву покоя не дают мои доходы, придется намекнуть о них. В США не принято делиться информацией о доходах, хотя при желании узнать можно, поскольку заполняются налоговые декларации. И здесь есть еще одна особенность, о которой Лебедев, похоже, не знает. Дело в том, что у любого основателя «публичной компании» есть свой пакет акций. Он постепенно растет по мере развития компании, потому что компания так поощряет сотрудника. Естественно, такой пакет акций есть и у меня. И инвесторы, следуя логике капиталистического мира, хотят у меня эти акции покупать, потому что они полагают, что есть шанс, что акции поднимутся в цене, и они, инвесторы, на этом обогатятся. А уж если лекарство будет создано, то обогатятся сильно.

Покупая мои акции, они фактически покупают часть моей интеллектуальной собственности, то есть мои разработки. Иначе говоря, лекарство еще не создано и не утверждено, а они хотят купить на него права в виде моих акций. И если я акции продаю (что не просто для действующего сотрудника компании, который знает больше других о том, что ожидается впереди – возможный взлет или возможное падение компании), то я, например, не могу акции просто так продать. Я должен передать какое-то количество акций, **утвержденное советом директоров компании** , биржевому дилеру, и он, дилер, продает их согласно плану, тоже утвержденному советом директоров. Например, из 120 тысяч переданных ему для продажи акций он продает по 10 тысяч акций каждый месяц, во второй четверг месяца. Если акции поднялись, мне и семье повезло. Если упали – повезло не так сильно. Иначе говоря, я не могу этот процесс контролировать. Потому что я инсайдер, и у меня таким образом – справедливо – отбирают возможность играть на рынке акций. Конечно, жулики есть всегда и везде, и есть инсайдеры, которые продают акции тайно, за это их – если попадутся – сажают в тюрьму, но я никогда в США не слышал, чтобы это произошло с главным научным сотрудником компании. Уж очень они на виду.

Так вот, я решил в течение года продать какое-то количество акций, именно по такой схеме. За год до того, в 2012-м, они шли по 6 долларов за акцию, весной 2013 года – по 16 долларов за акцию. Но все предназначенные акции (которые составляют относительно небольшую часть моего пакета) были проданы дилером до того, как они вышли на 19 долларов, и до того, как упали до трех долларов. Я в этом, как ясно, вовсе не участвовал. Цитирую комментарий к статье Лебедева человека, который принял слова щелкопера за чистую монету: «I gathered from your article that he is not very successful in business. It can happen with the best of us» («я уловил из вашей статьи, что он не очень успешен в бизнесе. Это может случиться с лучшими из нас»). Может, конечно. Но можно было бы привести сумму из моей налоговой декларации, а это здесь лишнее. Поскольку Лебедев налогов в США ни цента не платил за четверть века, то вряд ли посчитает.

Зачем я об этом пишу? Да затем, что показываю «устройство мозга» пасквилянта Лебедева. Даю урок молодым людям, что не знаете – не говорите, иначе запросто можете опозориться, как сейчас Лебедев.

Публикации в Гарвардском университете

И здесь Лебедев соврал. Публикации в Гарварде у меня есть, и не одна. Есть в Докладах Национальной Академии наук США, есть в журнале Biochemistry, есть в Biochem. Biophys. Acta, есть в FEBS Letters. Там же написан шеститомник по биотехнологии. Но Лебедев не понимает другой простой вещи – если бы моя научная продукция была неважной, никто бы меня не держал там профессором столько лет. Но люди с плоским строением мозга, как Лебедев, мыслят штампами – сколько статей, как индексированы журналы. Здесь у него удивительное родство душ с Балановскими, у которых такое же устройство мозга.

Я в Гарвардском университете занимался в основном разработкой лекарственных препаратов, а при этом публикации не приветствуются. Работы закрытые. Те, кто читал указанную выше книгу «Интернет» об этом знают, там это описано довольно подробно. Если бы работал там неважно, не направили бы меня на Нобелевский симпозиум, который сам же я и готовил, вместе с председателем Оргкомитета Б. Вэлли, председателем секции биохимии Национальной Академии наук США. Опять же, в книге это описано, не буду повторяться.

Пишу и это я по той причине, которую изложил выше. Пасквилянт мыслит накатанными ходами, и сгибает их так, чтобы – как ему кажется – дискредитировать. Если промолчать – то поощряешь пасквилянта.

Работа с композиционными материалами. Книги

Опять же, все это описано в книге «Интернет». Если коротко – я работал немало лет вице-президентом компании в области химической инженерии, а по сути – занимался созданием новых композиционных строительных материалов, по качеству превышающих

древесину. Я согласился на предложение перейти из Гарварда в ту компанию, поскольку мы собирались там заниматься биотехнологией, но увлеклись новыми материалами с необычными свойствами. В итоге, после десяти лет работы там компанию купили, и она переехала на другой конец США, в штат Минессоту, а я переезжать отказался. Вместо этого написал книгу в 700 страниц под названием Wood-Plastic Composites, которая продается на amazon.com вместе с другими моими книгами, изданными в США[263]. Она переведена на русский и китайский языки, и вот уже девять лет остается единственной книгой в мире на эту тему, не считая сборников статей с конференций. Собственно, потому я активно востребован в качестве научного эксперта в судебных процессах в США, потому что – формально, во всяком случае – наиболее известный специалист в этой области.

Кстати, там же выставлена книга Galectins. Лебедев при всей его убогости и здесь извратил, что я якобы «со *смехом рассказывал…, что наугад взял какие-то полисахариды, состоящие из маннозы и галактозы, полученные из семян гуара, и вот эта смесь сразу же, с первого раза, уменьшила вредное влияние химиотерапии…* ». Отнюдь не наугад, поскольку искал блокирующие агенты галектинов (рецепторов) на раковой клетке, и для этого нужно было найти удачное производное галактозы, чтобы блокирование было сильным. Лебедев и здесь перепутал, а точнее – соврал. Потом с этими полисахаридами шла большая работа, чтобы довести их до лекарственного препарата. За это мне и платят инвесторы немалые деньги, чтобы получить – хотя бы частично – авторские права на полученный препарат.

В своем рвении хоть как-то «дискредитировать», Лебедев опять и опять позорится. Цитирую: *Вот пишут: «We have decided to sell the composites business» («Мы решили продать бизнес композитов»). Это в статье печальным названием: «Kadant Composites LLC is Dead (Kadant Composites LLC умерла)». http:// www.lawyersandsettlements.com/…/kadant-stories… В общем, продали компанию каким-то азиатам.*

Разумеется, продали, в штат Минессота. Нормальное бизнес-решение, таких – бесчетное количество в мире бизнеса. Бойкий журналист написал «умерла», в том смысле, что такой компании больше нет, что верно, она переименована в LDI Composites. Минессота – это не Азия, хотя что плохого, если бы продали в Азию? Но если заглянуть на сайт, то легко убедиться, что компания LDI Composites живет и здравствует, а общий бизнес таких композиционных материалов достиг 4.1 миллиардов долларов (!). А когда продали – был «только» 2 миллиарда. Опять Лебедев шумно крикнул в лужу.

Немного о популяционной генетике

Лебедев и здесь понес ерунду, как будто я против Четверикова и других исследователей в области популяционной генетики. Напротив, я везде подчеркиваю, что когда популяционная генетика занимается своей основной работой, поиском связи между генотипом и фенотипом, так замечательно. Проблема, когда они лезут в кинетику мутаций и связывают это с историческими датировками. Вот тогда получается полный конфуз.

Лебедев же слышал звон, да не знает, где он. Пишет про попгенетиков – *«проложили путь к методу расчета частоты мутаций ДНК. Сам же метод, в уже готовом для применения виде, возник в начале 2000 года».* Нет «частоты мутаций ДНК», там в каждом участке Y-хромосомы частота мутаций разная, и проблема была в том, как эти мутации связать со временем, прошедшим от общего предка группы носителей Y-хромосомы. Это – очень непростая задача, и в 2000-м году этого ничего не знали. Попгенетики не знают до сих пор. Потому в 2004 году и появился печально известный, порочный метод Животовского, который завышает датировки в 3–4 раза, а то и больше. Впрочем, я про это уже немало рассказывал. Пусти «философа» Лебедева в огород…

Все остальное на эту тему, написанное Лебедевым в его пасквиле, не стоит внимания. К слову, проект Genographic к ДНК-генеалогии не имеет отношения, у него задачи другие. Там

263 http://www.amazon.com/s/ref=nb_sb_noss?url=search-alias%3Daps&field-keywords=Klyosov

определяют гаплотипы по территориям. Датировки там тоже не считают. Хотя много раз брали с потолка, без минимальных обоснований, я об этом тоже рассказывал. Беда с Лебедевым – не читает он литературу. Лебедев же не читатель, Лебедев писатель. Что стоит хотя бы вот это – *Претензии на эпохальное открытие Клесова тем более нелепы, что источник его откровений хорошо известен: это методичка, рассылаемая проектом «Genographic».* Если бы так, то с чего бы Балановской заявлять, что «его методы нам непонятны»? Лебедеву надо бы сначала с Балановскими договориться, а то конфуз получается.

>> *При расчетах сроков жизни «родоначальника» вводится ряд параметров: частота мутаций или константы скорости мутаций, выбор базового гаплотипа, учет или неучет возвратных мутаций, средний срок жизни одного поколения, загрязненность среды.*

Читать такое у Лебедева – уши вянут. Какая «загрязненность среды», которая якобы «вводится»? Какие «константы скорости мутаций», когда попгенетики слова «константа скорости» вообще не употребляют, и Лебедев это у меня вычитал, как и «учет или неучет возвратных мутаций»? Где это у попгенетиков, пусть покажет хотя бы одну работу. Это все было только в наших работах с Адамовым в 2008–2009 году. Какой «средний срок жизни одного поколения», нет такого вообще. Это зависит от эпохи, образа жизни, религиозных положений, войн, эпидемий и проч. Понятие «базовый гаплотип» я сам ввел. Что ни ляпнет Лебедев, всё невпопад.

О Петрике и комиссии РАН по борьбе с лженаукой

Я не знаю, что там В. Петрик изобрел, и какова достоверность его разработок. Меня это не интересует и никогда не интересовало. Единственно, что меня интересовало, это отсутствие у Лебедева минимальных научных оснований при его наскоках на Петрика. Я все-таки работаю экспертом в судах, и в свое время неоднократно говорил Лебедеву, что его нападки на В. Петрика ни один суд не примет. Надо все-таки обосновывать свои положения, а не лгать напропалую. Писать, например, что у Петрика нет патентов в США, а они есть, что я Лебедеву и демонстрировал, и это приводило последнего в бешенство.

В итоге ничего научного в «разоблачении» работ Петрика у Лебедева не было и близко. Вполне возможно, что у Петрика ничего достоверного не было, но это надо показывать. Иначе дело отдается на эмоциональный откуп «философа», и на одного «лжеученого» придется десяток, а то и больше толковых исследователей, которых загубят. А это не шутки. Поэтому меня, признаться, покоробило, что Лебедева недавно ввели в состав Комиссии по борьбе с лженаукой, официально «Комиссии по борьбе с лженаукой и фальсификацией научных исследований при Президиуме РАН», на том «основании», что по словам академика Александрова, он оказался «первым разоблачившим из-за океана фокусы пресловутого Петрика». Так, как Лебедев, не разоблачают. Если эта комиссия и дальше будет прибегать к деятельности Лебедева, то окажется, что «хотели как лучше, а получилось как всегда».

В целом же, как я и излагал выше, в пасквиле Лебедева – сплошные голословные ляпы. При этом он и не заботится их хоть как-то обосновывать. Махнул очередную нелепицу, и пошел дальше. А потому что он прощелыга-журналист. Книга «Происхождение человека» у него – «сляпали огромный и нелепый кирпич в 1000 страниц». Почему «нелепый»? А так. Хоть одно замечание по сути нашлось? Нет, конечно. И такой человек – член комиссии при РАН.

«…Вступил в не менее предосудительную связь с шутником М. Задорновым» – почему «предосудительную»? А так. *«…Доказывал, что именно славяне были перволюдьми и породили всех прочих».* Откуда это? А так. Про журнал Advances in Anthropology Лебедев пишет, что *«он не самостоятельный (у него нет своего сайта)».* Занятно, а это что такое? http://www.scirp.org/ journal/aa/ Что же Лебедев не говорит то же самое про, например, European Journal of Human Genetics? Он тоже «не самостоятельный», у него нет своего сайта,

он идет под эгидой Nature, что и отражено на линке и на сайте. Ну просто извивается Лебедев, как уж на вилах.

Что касается платы за публикации, увы, многие журналы на это переходят. Не справлялись, сколько стоит публикация в Nature? В PLOS ONE, известном журнале открытого доступа, стоимость публикации – 2000 долларов. Плюс дополнительные 460 долларов за каждую цветную иллюстрацию к статье. Это намного забивает журнал Advances in Anthropology с его 300 долларов за статью. К сожалению, это реальность, в журнале работают люди, им платят зарплату. Но далеко не все статьи у нас публикуются, рецензирование строгое. Недавно одна статья проскочила без рецензии, и я дал отповедь автору в жестком комментарии, см. линк выше.

В пассаже Лебедева про коэнов я обратил внимание на фразу *«получил от ассоциации коэнов за это расследование (помимо гонорара)…».* Лебедеву, при его патологической жадности, везде гонорары чудятся. Пусть запишет в книжечку – я никогда ни цента не получил за исследования по ДНК-генеалогии. В том числе и от коэнов. Все делаю бесплатно, всё из своего кармана. Кстати, и с коэнами Лебедев перепутал, я работал с двумя группами коэнов – гаплогруппы J1 и J2. Поэтому и датировки разные. А Лебедев и здесь позорится – *«То есть, то был, оказывается, вовсе не библейский Аарон, а неведомо кто и совсем не так давно. И цифры из его самой научной ДНК-геналогии можно получить любые. Можно 3600 лет, можно 1650* ». Разные гаплогруппы, stupid.

Дальше Лебедев перекинулся на конференцию по карачаево-балкарцам, но это в его изложении вообще профанация. Типа вот этого: *«Клесов все время углубляет истоки славянина. Каких-то два года назад он имел возраст 5 тысяч лет, полтора года назад – «всего» 60 тысяч, а сейчас, поди ж ты, – уже 700 тысяч».* Это у Лебедева уже клиника. Нигде я такого не писал и писать не мог. Или вот это: *«Но вот когда Клесов подвалил к председателю (А.Х. Тоторкулову) насчет денег для организации его лаборатории ДКН-генеалогии, то тут – шалишь. Древность-древностью, но бизнес еще важнее. Председатель уже знал о предпринимательских провалах химика и денег не дал».* Интересно, чем руководствуется продажный щелкопер, когда лжет напропалую. Надеюсь, Алий Хасанович это прочитает (а прочитает точно, я ему перешлю), и даст оценку этому вранью. Про деньги между нами речи вообще не было, да и зачем?

И далее – *«В последнее время Клесов засел на самотужном сайте pereformat.ru».*

Ну ладно, достаточно. Это уже клиника.

Сумбур вместо «музыки»

Подошла к концу «дискуссия» на сайте «Троицкий вариант», которую правильнее называть балаганом. Почему так? Ведь собрались подискутировать доктора и кандидаты наук, профессора (во всяком случае, три профессора – Л. Клейн и двое Балановских, мать и дитя), помещено 2801 комментариев, счетчик показывает 71875 просмотров. То есть мероприятие прошло с размахом, наверное, тема была важной как для науки, так и для страны, то есть «судьбоносной», веховой, эпохальной, так сказать.

Да как сказать? – извините за каламбур. Балаган тоже может быть эпохальным. Не верите? Посмотрите на материалы той самой «дискуссии». Если там найдете хоть что-то по науке, сообщите мне, я еще раз перечитаю. Ах, да это мое сообщение, и еще одно, и еще. Нет, я про сообщения других. Что, не нашли? Да вот и я о том же.

И не только я так думаю. Вот – цитата из сообщения одного из наиболее активных дискутантов (в пятерке наиболее активных), по кличке Alex: *«хотелось бы, чтобы дамы и господа, подписавшие письмо, разобрали бы для примера более подробно и конкретно какое-нибудь одно преступление Клёсова, такое, чтобы это было по возможности поучительно для неспециалистов».* И этот призыв – уже при завершении дискуссии. Красноречиво, не так ли? Это показывает, во-первых, что ни один (!) из 2801 (!) «постов» в «дискуссии» так ничего и не «разобрал, подробно и конкретно». Хорошее дело, не так ли? Тогда для чего

дискуссия вообще велась?

Во-вторых, это показывает, что один из наиболее активных «дискутантов», с его 103 выступлениями в одном месяце, не имеет понятия о научной части вопроса. Он хочет, чтобы ему хоть что-то объяснили, хоть что-то разобрали «для примера». В-третьих, он понятия не имеет, но тот, кого он обвиняет – уже совершил «преступления», и хотя бы одно надо публично разобрать. Таким образом, что-то начинает проясняться с этой «дискуссией». Она была не о науке, как я ниже покажу еще ни один раз. А о чем тогда?

Вот об этом – моя статья. Она, возможно, шокирует людей, к профессиональной науке непричастных. Статья об убожестве мысли и поступков людей, именующих себя «учеными», сотрудниками РАН, докторами наук и профессорами. Она – об «охоте на ведьм» в современной российской «науке». Она – о русофобии как определяющей идеологии значительной части российских «ученых», она о примате идеологии над наукой, над здравым смыслом, над совестью, хотя последнего у большинства активных дискутантов и дискутанток не обнаруживается, как станет ясно при прочтении этой статьи тем, кто в этом еще сомневался, или питал какие-то иллюзии на этот счет.

Но вернемся к началу. А именно, о чем сыр-бор и кто активные дискутанты. Если науки в дискуссии не было, как уже очевидно, то что было?

Начнем с активных дискутантов, следуя логике нашего повествования. Итак, в первой, основной фазе в течение первого месяца было суммарно 1623 выступления-комментария. Самым активным был профессор Клейн Лев Самуилович. Возраст – 87 лет, хотя к науке это не имеет отношения. Я привожу его возраст только потому, чтобы поделиться тихим изумлением от явления «наш пострел везде поспел» и его негативной, испепеляющей агрессивной заряженности. И еще потому, чтобы отметить, что в своей жизни Клейн наблюдал много подобных «дискуссий», на которых травили генетиков, кибернетиков, исследователей теории резонанса (это в физической химии), разносили гнусные письма и собирали подписи, и люди подписывали, кто трусливо, кто охотно. Л. Клейну был 21 год, когда прошла печально известная августовская сессия ВАСХНИЛ, на которой «мичуринская агробиология» травила генетику, и последствия этого известны – российская генетика «отстала навсегда», по выражению, популярному в научной среде.

Неужели это Клейна ничему не научило? Неужели его собственное тюремное заключение ничему не научило? Правда, отсидел Клейн не за науку и не за «политику», а за то, о чем в приличном обществе не говорят. И упоминаю это я не потому, что это имеет хоть какое-то отношение к теме нашего обсуждения, а потому что Клейн в любой дискуссии упоминает о своем тюремном опыте, хотя его никто и не спрашивает. Правда, он никогда не говорит, за что. Вот и в этой, Троицкой дискуссии, опять: *«И в тюрьме довелось посидеть (разумеется по уголовному обвинению, но сажали почему-то органы безопасности)».* Заметьте, намек на то, что его дело как-то было связано с тонкими материями, с безопасностью страны. Возможно, был бойцом «невидимого фронта», да враги оговорили. Ладно, кто хочет, тот найдет, в чем там дело было. Мы не об этом. Противно говорить.

Так вот, перед нами наиболее активная пятерка «дискутантов» (количество выступлений – за первый месяц):

Л. Клейн – 159 выступлений (фанатичный норманист)

Denny – 158 выступлений (Тихонов Денис Борисович, д.б.н., завлаб в институте Эволюционной Физиологии и биохимии РАН) – он так сам в дискуссии представился

Valery – 130 (Валерий Запорожченко, попгенетик, сотрудник Балановских, норманист)

Губарев – 113 выступлений (Олег Губарев, гуманитарий, фанатичный «норманист»)

Alex – 103 выступления

Эта пятерка в сумме произвела 663 выступлений, то есть 41 % из всех 1623. Следующими по порядку идут еще пять человек:

Г. Дзибель – 96 выступлений (антрополог)

О. Балановский – 86 выступлений (завлаб в Ин-те генетики, попгенетик, норманист)

А. Касьян – 71 выступлений (канд. филологических наук, норманист)

Некто «Юлия» – 55 выступления (гуманитарий, в основном на подтанцовке; истеричка)

Е. Балановская – 46 выступлений (завлаб популяционной генетики в Академии мед. наук)

Эта десятка в сумме дает 1017 выступлений, то есть 63 %, почти две трети от всех. Наконец, если еще добавить подтанцовку в лице «Красного цилиндра» (44), Веренича (43), и вычесть мои сообщения, единственные, которые содержали научные данные, которые я выставлял для объяснения (что с теми «участниками» было пустым номером, поскольку по ним не было ни одного комментария – наука же там, а «дискутантам» это нэ трэба), то получится, что перечисленным «дискутантам» принадлежали 72 %, то есть почти три четверти от всех. Остальные были случайными людьми, и только «Сергей» пытался давать примеры моих расчетов, но ему не дали, тут же «захлопывали». После первого же его комментария *«Клёсову по существу кто-нибудь будет возражать содержательно?»* он в последующей дискуссии уже идет как «Сергей, поклонник Клёсова». Ответа на его вопрос никто не дал. Содержательность в той дискуссии была не в чести.

Особенно в этом отметился, и многократно, Л. Клейн. Он постоянно повторял, что не надо сбиваться «на технические вопросы», и далее – *«Нам не переспорить его нужно, а показать всем, что это такое».* Перевожу на нормальный язык: дискуссия нам не нужна, там А.А. Клёсов сильнее. Поэтому наша задача – заклеймить его путем навешивания ярлыков.

И, наконец, Клейн раскрылся в следующем. Поступил комментарий Alex: «У *меня сложилось впечатление, что элементарные методы Клёсова вполне срабатывают в простых ситуациях. Поэтому, если он применяет их только в тех случаях, когда они применимы, ошибок быть не должно».* Вслед за этим – комментарий Denny: *«Если Клесов – лженаука, то должно быть нечто ложное в его данных, методиках и результатах. И я от специалистов хотел, чтобы мне это показали».* Клейн раздраженно парирует: *«Денни, Вы опять ограничиваете науку лаборантским уровнем».*

Как видно, Клейн в принципе не хочет рассматривать данные, методику, результаты ДНК-генеалогии. Он прекрасно понимает, что это для него заведомо проигрышный вариант. И действительно, каждый раз, как только переходили к данным, расчетам, результатам, Клейн выглядел жалко, демонстрируя полную некомпетентность. Примеры уже даны выше в этой книге. И он, Клейн, объявляет, что рассмотрение конкретных данных, методики, результатов – это «лаборантский уровень». Идеология важнее. Объявить врагом народа – значительно действеннее. И не нужно вникать в суть подходов и полученных результатов, в них Клейн все равно не разбирается. И дальше он восклицает, что для него якобы важно – «А *теория? а принципы? А понятия? А законы? Если в них ложность, то это уже не лженаука?».* То есть Клейн, не понимая сути ДНК-генеалогии, не понимает, что не может быть, чтобы методика, данные, результаты были верными, а теория и принципы были неверными. То есть Клейн всё сводит опять к идеологии, для которой не нужны результаты.

И Denny ему резонно отвечает: *«…мы просто тут плохо понимаем друг друга. «А теория? а принципы? А понятия? А законы?» В моем понимании именно это и лежит в основе «данных, методик и результатов». Одно не может существовать в отрыве от другого. Если теории, принципы и понятия ложные, то не могут быть корректными основанные на них данные, методики и результаты. И наоборот. Существования теорий, понятий и принципов в отрыве от данных и методик я вообразить себе не могу. Теории, понятия и принципы основаны в свою очередь на данных. Не на божественном откровении же? Как раз в том случае, если теории, понятия и принципы с законами из данных не исходят, это фольк-наука или лженаука».*

Итак, первые выводы . Научные положения ДНК-генеалогии в дискуссии не обсуждались, их просто некому было обсуждать. Некомпетентность «дискутантов» зашкаливала. Ни расчетный аппарат ДНК-генеалогии, ни применяемые величины констант скоростей мутаций, ни результаты построения деревьев гаплотипов, важные в ДНК-генеалогии, ни конкретные пути миграций с соответствующими датировками, полученными в рамках понятий ДНК-генеалогии – ничего из этого не обсуждалось. Два-три вопроса ко мне были подняты попгенетиками, но настолько в схоластическом, выхолощенном виде, на таком низком уровне понимания вопроса, что мой единственный ответ дискуссию прекращал. Примеры будут даны ниже. Как мантра повторялось слово «лженаука» – 248 раз, «лжеученый» – 125 раз, все «лже» в сумме – 608 раз. Вся дискуссия в целом (в ходе первого месяца) заняла более 200 тысяч слов. Результат? Нулевой.

Некто Семененко, который не так давно с позором бежал с «Переформата», отказавшись отвечать на адресованные ему 14 вопросов и прикрывшись Законом РФ (который, по его словам, позволяет ему не отвечать на вопросы) объявил, что калибровка констант скоростей мутаций – это подгонка, правда подгонка чего и подо что, не сообщил. Это тут же было обрадованно подхвачено «дискутантами» – *«подгонка «научного объяснения» к ответу – это и есть лженаука»* (Губарев) [правда, Губарев так и не дал конкретного примера, подгонка чего и к какому ответу]? *«Подгонка данных под результат, их тенденциозный отбор – есть явное нарушение методик. Это состав преступления лженауки. Можно элементарно вычислить и доказать. Что с новохронологами и проделали»* (Denny) – правда, осталось неясным, это у него было общее положение, адресованное новохронологам, или что-то в отношении ДНК-генеалогии. Но поскольку конкретного примера дано не было, опять же зависло. Как читатель видит, шло банальное сотрясение воздуха, и так больше полутора тысяч раз. Сухого остатка в отношении ДНК-геналогии – никакого. Нуль.

На три четверти дискуссия проходила между десятком человек, из которых трое (Клейн, Касьян и Балановская) были подписантами исходного письма. Еще три подписанта – Боринская, Соколов и Волков – отметились на бегу (из них Волков опозорился, показав свою некомпетентность, и в дискуссии больше не участвовал, это описано выше в разделе «Цитаты из «письма 24-х и комментарии»). Шесть из 24-х подписантов поучаствовали в дискуссии, а где остальные 18 человек? А они не явились на дискуссию, защищать свои положения, изложенные в письме. И понятно почему – они совершенно некомпетентны в вопросах ДНК-генеалогии. Цитаты из письма уже были разобраны выше. «Науки» там никакой не было.

Переходим к дискуссии на «Троицком». После продолжительного сотрясения воздуха дюжиной «дискутантов», которым принадлежит три четверти всех выступлений, и которые постоянно хвалили друг друга, и дружно показывали полную некомпетентность, и отсутствие понятия о предмете дискуссии, а зачастую и умышленное искажение материала, эта дюжина пришла к чему-то общему. Было примерно сформулировано, но в вязком виде, что претензии к ДНК-генеалогии сводятся к следующим десяти пунктам:

– приравнивание славян к ариям (Балановские, Клейн)

– приравнивание рода к гаплогруппе (Клейн)

– «биологизация этнических отношений» (Балановские, Клейн)

– претензии к происхождению славян (Клейн)

– наполнение лингвистических категорий биологическим содержанием (Клейн)

– неясность с использованияем оборотов «славянские гены», «финно-угорские гены» и подобных («Красный цилиндр», Балановская)

– наличие «недостатков методов ДНК-генеалогии», но что хотелось бы знать, в чем они заключаются (Alex)

– «нет смысла особо обсуждать недостатки методов, используемых Клёсовым. Они, может быть, и не лучшие из возможных, но, как я понял, имеют свою область применения и не выходят за пределы науки» (Alex)

– «Так всё-таки, работают методы Клёсова или нет? Ну пусть Клёсов не разобрался, применяет их заведомо неправильно, делает некорректные выводы. А правильные, самые наилучшие методы могут что-либо сообщить о хождениях древних народов?» (Alex)

– Результаты и выводы ДНК-генеалогии опасны для общества (Клейн, Балановская, Балановский, Denny)

Давайте их коротко расмотрим. Покажем, чего дискуссия лишилась, и какой бы она могла быть, если бы участники действительно хотели что-то понять о ДНК-генеалогии.

>> **«Приравнивание славян к ариям» (Балановские, Клейн).** Это уже описано выше. Никакого приравнивания не было и быть не могло. Для Клейна это недопустимо просто потому, что для него «славяне» – это славянская группа языков, а «арии» – арийская группа языков. Естественно, эти группы языков в лингвистике приравнивать нельзя. Они в отношении людей имеют другую категорийность. Как и «индоевропейцы» – это не люди, не народ, не племя, а языки. Вот что по этому поводу писал князь Н.С. Трубецкой: *«понятие «индоевропейцы» является чисто лингвистическим, – в такой же мере, как понятия «синтаксис», «родительный падеж» или «ударение». Существуют индоевропейские языки и существуют народы, говорящие на этих языках. Единственным признаком, общим всем этим народам, является принадлежность их языков к индоевропейской семье языков* ».

Но ни Клейн, ни Балановский не могут, не хотят, неспособны сделать шаг в сторону (или вперед) от закостенелого мышления, и усвоить, что в ДНК-генеалогии другой понятийный аппарат. В нем арии – это не языки, а люди, произошедшие от одного общего предка, несущие в своих Y-хромосомах определенные мутации, унаследованные от этого общего предка, что и позволяет их рассматривать как генеалогически родственную группу. Это – носители гаплогруппы R1a. Если бы мы не знали истории, и имели бы только картину мутаций в Y-хромосоме определенной популяции, естественно, ни о каких ариях никто бы и ни подумал. И мы бы просто имели базовый, то есть предковый гаплотип, и рассчитанную по скоростям мутаций дистанцию во времени от общего предка, например, индийских 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a. Базовый гаплотип их выглядит так:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 17 16 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15
16 11 12 19 23 15 16 18 19 35 38 13 11 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12
22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 32 15 9 15 12
26 27 19 12 12 13 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 14 24 13 9 10 19 15 19
11 22 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

и их общий предок жил 460о±485 лет назад (надо сказать, что погрешности здесь указаны с большим запасом, поскольку их расчеты исходят из погрешности константы скорости мутации для 67-маркерных гаплотипов (0.12 мутаций на гаплотип на 25 лет) плюс-минус 10 %. На самом деле мы давно выяснили, при анализе мутаций тысяч гаплотипов, что погрешность этой константы не превышает 2–3%, и правильнее было записать 4600±150 лет назад. Но лучше на всякий случай погрешность завысить, чтобы не «играть в точности» там, где важнее концептуальный вывод.

Но поскольку в ДНК-генеалогии мы не просто и бездумно определяем базовые гаплотипы и датировки, а ищем смысл в полученных результатах, то важным было обратить внимание, что индийцы с этими и родственными гаплотипами занимают до 72 % в высших кастах Индии, и это в значительной степени брамины[264]. Значит, это потомки тех самых легендарных, исторических ариев.

Очевидным представляется следующий шаг – задать вопрос, а кто ближайшие

[264] Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

родственники этих ариев, где они живут в настоящее время? Это, скорее всего, должны быть носители индоевропейских языков, как и подавляющее число носителей гаплогруппы R1a в высших кастах. Проблема в том, что сейчас индоевропейские языки разошлись по всей планете, а общий предок индийских R1a, который явно был арием, жил почти пять тысяч лет назад. В те времена ареал индоевропейских языков определенно был намного меньше. Ну, давайте проверим носителей гаплогруппы R1b, были ли их предки ариями. В Европе наиболее распространен следующий базовый гаплотип гаплогруппы R1b, ему примерно 4800 лет, так что времена те же. Его носители – большинство жителей Центральной и Западной Европы (из них подавляющее большинство, около 80 %, ирландцев, шотландцев, англичан, не менее 60 % французов, бельгийцев, голландцев, испанцев, португальцев, около половины немцев и итальянцев):

13 **24 14 11** 11 14 12 12 **12** 13 **13 16 17** 9 10 11 11 **25 15 19 29 15** 15

17 17 11 **11** 19 23 **16 15** 18 **17 36** 38 **12 12** 11 **9 15 16** 8 **10** 10 8 **10**

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

У общего предка R1b тех же времен, что и у ариев, огромное количество мутаций-различий от арийского предкового гаплотипа (отмечены). Мы видим, что древние индийцы-арии принципиально отличались от древних предков современных европейцев. И это неудивительно – у тех в основном другой род, R1b. Он к ариям не имеет отношения. Действительно, при изучении 367 браминов из разных штатов Индии гаплогруппы R1b не было найдено ни у одного[265]. Для сравнения – у браминов Западной Бенгалии доля гаплогруппы R1a – 72 %, у браминов штата Уттар Прадеш – 68 %[266].

Посмотрим на базовый гаплотип современных этнических русских гаплогруппы R1a, славян («возраст» общего предка примерно 4900 лет):

13 25 16 **11** 11 14 12 12 10 13 11 17 **15** 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15
16 11 12 19 23 **16** 16 18 19 35 38 **14** 11 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12
22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13 32 15 9 15 12
26 27 19 12 12 **12** 12 10 9 12 11 10 11 11 30 12 **13** 24 13 9 10 19 15 **20**
11 **23** 15 12 15 24 12 23 19 10 15 17 9 11 11

Расстояние между общим предком современных русских славян гаплогруппы R1a и общим предком современных индийцев – всего 8 мутаций, что соответствует разнице всего в 8/0.198 = 40 → 42 условных поколений, то есть примерно 1050 лет, и их общий предок (современных индийцев и современных русских) жил примерно (1050+4900+4600V2 = 5275 лет назад. Это – всего за 375 лет до общего предка этнических русских, что на самом деле попадает в пределы погрешностей расчетов.

Таким образом, сейчас можно считать твердо доказанными древние миграции предков (технически – братьев предков) нынешних восточных славян в Индию несколько тысячелетий назад. И современные этнические русские гаплогруппы R1a, и современные

---

265 Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, AJS, Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. J. Human Genetics, 54, 47–55.

266 Там же

индусы той же гаплогруппы происходят от одних и тех же общих предков – ариев, которые жили примерно 5 тысяч лет назад. Поэтому я не «приравниваю» современных славян к древним ариям, как пытаются передернуть Клейн с Балановскими, а показываю их близкое родство на уровне общих предков.

То, что выше, включая гаплотипы индийцев-R1a, русских/ славян-R1a и западно/центрально-европейцев-R1b, было выложено в дискуссии как доказательство родственной близости славян-R1a и ариев. Ни одного (!) комментария от «дискутантов» на это не последовало. Это еще раз показывает, что наука «дискутантов» совершенно не интересовала.

>> **«Приравнивание рода к гаплогруппе» (Клейн, Балановские).** Да, именно так. В понятиях ДНК-генеалогии род (куст потомков, имеющих общего предка-патриарха) и гаплогруппа (куст потомков, имеющих те же специфические мутации, что имел общий предок-патриарх) – синонимы. Ничего социального здесь нет. Потомки могут жить в разных концах мира, иметь разный цвет кожи и говорить на разных языках, но в понятиях ДНК-генеалогии они принадлежат к одному роду, он же гаплогруппа, субклад, ветвь гаплотипов, которые объективно выявляются на основе стандартизованных подходов ДНК-генеалогии. Один их таких подходов – построение дерева гаплотипов и его анализ по ветвям.

>> **«Биологизация этнических отношений» (Балановские, Клейн).** Эти претензии бессмысленны, потому что «этнических отношений» нет в ДНК-генеалогии. Претензия выдумана, и произносится как заклинание.

>> **«Претензии к происхождению славян» (Клейн, Балановские).** Никакие претензии не принимаются, пока они не будут четко изложены в письменном виде. Если «славяне» здесь – лингвистическое понятие, то претензии тем более не принимаются. Но ДНК-генеалогия при рассмотрении славян видит, что их основными гаплогруппами являются R1a, I2a, N1c1. Происхождение этих трех гаплогрупп/субкладов можно и нужно рассматривать раздельно, у каждой – своя многотысячелетняя история. Формирование же этнических групп славян – русских, украинцев, белорусов, поляков, сербов, словенцев – не есть предмет и область исследования ДНК-генеалогии.

>> **«Наполнение лингвистических категорий биологическим содержанием» (Клейн, Балановские).** Никакие претензии не принимаются, пока они не будут четко изложены в письменном виде. Но при этом жестко рекомендуется придерживаться принципов, понятий и определений ДНК-генеалогии. В данной формулировке это «наполнение» – дешевый пропагандистский лозунг. Смысла у него нет.

>> **«Неясность с использованием оборотов «славянские гены», «финно-угорские гены» и подобных» («Красный цилиндр», Балановская).** Эта претензия – не по адресу. В ДНК-генеалогии «генов» нет. Соответственно, эти «обороты» мной не использовались и не используются.

>> **«Наличие «недостатков методов ДНК-генеалогии», но что хотелось бы знать, в чем они заключаются» (Alex).** Неясно, что здесь подразумевается под «методами ДНК-генеалогии». Если это расчетный аппарат, то он давно разработан и верифицирован. По сути, «недостатки» расчетного аппарата такие же, какие и в кинетике химических и биологических процессов. В свое время (1976 г.) книга И.В. Березина и А. А. Клёсова «Практический курс химической и ферментативной кинетики» начиналась следующими словами:

До настоящего времени базис химической кинетики остается наименее строгим среди

всех разделов физической химии. Однако значение кинетических методов в современной химии и биохимии неуклонно растет. В первую очередь это связано с тем, что хотя теория элементарного акта далека от совершенства, математический аппарат формальной кинетики и макрокинетики вполне строг и приводит к однозначным результатам. Не менее важно и то обстоятельство, что результаты кинетического эксперимента часто удается поставить в четкое соответствие с другими физико-химическими параметрами реагирующих систем и таким образом получить законченное описание химического или биохимического процесса.

Все сказанное в цитате выше относится и к методам ДНК-генеалогии.

Если речь о подходах к построению деревьев гаплотипов, то они нас вполне устраивают. Да, в последние годы появились варианты, которые могут быть приложены к построению деревьев гаплотипов, но зачем, с какой новой целью? Как говорит американская поговорка – «если не поломано, то не надо чинить». «Дискутанты», которые на Троицком рассуждали о более продвинутых (на их взгляд) методах построения деревьев, рассуждали как лаборанты. Для них был важнее процесс, «шашечки», а не результат. Ни в одном случае ими не было показано, что другие методы построения деревьев приведут к лучшему и более правильному разделению ветвей при наличии той же серии гаплотипов. Те, кто в этим действительно понимают, знают, что если есть два одинаковых гаплотипа, относящиеся к разным гаплогруппам или субкладам, то никакая на свете программа их не разделит по разным ветвям. Вероятность такого совпадения гаплотипов повышается при уменьшении протяженности гаплотипов. Именно потому мы стараемся строить деревья для 67– или 111-маркерных гаплотипов. Это – значительно важнее, чем любые программы построения.

Когда я вижу, что дерево четко разделяет серии гаплотипов по субкладам, мне не нужны никакие новые программы. Для лаборантов по духу (типа «дискутантов» Веренича, Запорожченко, Касьяна) важно, как закладывать в матрицу гаплотипы, а мне важен конечный результат, и как он проверяем независимыми методами.

Пример: В. Веренич дал в дискуссии на «Троицком» линк на свой новый материал, под названием *«Актуальные проблемы изучения так называемого динарского кластера гаплогруппы I2a»* (20 января 2015). Я ознакомился. В общем, что и ожидал -41 страница невразумительной трескотни, с банальными выводами. На этих страницах Веренич обсуждает «филогенетический анализ», «генегеографический анализ», «картографический анализ», «анализ генетической изменчивости», и что? А ничего. Генерация шума ради генерации шума. И вот свидетельства. Еще в январе 2010 года, пять лет назад, я опубликовал развернутую статью «Гаплогруппа I»[267], эта же статья с дополнениями пошла в книгу «Происхождение человека» (2010), и в ноябре 2012 года вышла статья «Динарская (восточно-европейская) и «островные» ветви гаплогруппы I2a»[268]. Как видим, у Веренича в 2015 году даже название практически то же самое, что у моей статьи 2012 года. Разумеется, ссылок на мои статьи нет, но, зная Веренича, другого я и не ожидал. Его статья – пересказ моих статей, но в гораздо худшем исполнении. Не зная и не понимая констант скоростей мутаций, он свалил в кучу их от разных авторов, начиная от тех, кто использовал «константы Животовского», и всех других, всего 20 разных «скоростей мутаций», которые дали датировки от 1700 до 3475 лет «до общего предка», и взял от них среднюю. Ну не профанация ли?! Затем занялся «индексами стандартного разнообразия» и «индексами молекулярного разнообразия» для 21 этноса Европы, которые никому не нужны, как и ему, потому что больше это он нигде не использовал. Типичный прием попгенетиков – «что вижу,

[267] Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 3, № 1, стр. 96-158.

[268] Вестник Академии ДНК-генеалогии, том 5, № 11, стр. 1304-1318

о том и пою». И в каком виде он их излагал? А все в том же – 0.з66959±0.259787, 0.213596±0.1333580, и так десятки раз. Это говорит об отсутствии у него математической подготовки и об отсутствии здравого смысла.

Таблицы заполнены «многомерным шкалированием», тестом Мантеля, пермутациями по методу Монте Карло, и для чего? Чтобы получить мои же результаты трехлетней давности. Смотрим на мою статью 2012 года. Разделы – «Динарская восточноевропейская ветвь, I2a1b-M423», «Первая атлантическая ветвь, I2a1a-M26», «Вторая анлантическая ветвь, I2a1c-L233», «Третья атлантическая ветвь, она же «разорванный «динарский» субклад I2a1b-M423». Смотрим возраст первой, по сути славянской, общий предок жил 2350±250 лет назад. И дальше я пишу – «Эта ветвь отличается тем, что все до одного гаплотипы Балканских стран (Сербии, Хорватии, Македонии, Словении, Боснии и Герцеговины, Болгарии, Черногории), а также России, Украины, Белоруссии, Польши, Чехии, Словакии, Венгрии, Литвы, Латвии, Греции из списка в 395 гаплотипов находятся в динарской ветви, I2a1b (L147.2). Остальные ветви почти исключительно занимают гаплотипы из Англии, Ирландии, Шотландии».

Иначе говоря, от Греции до Балтики – один предковый гаплотип, один общий предок. А Веренич, не понимая этого и не видя очевидного, стал применять «тест Мантеля», и получил вывод *«Результаты теста Мантеля говорят о том, что в выборке (L147.2) не наблюдается статистически значимой корреляции между географической и генетической дистанцией».* Да уж, какая там корреляция, когда один предковый гаплотип от Греции до Балтики. Возраст этой ветви I2a – у меня в публикации 2350±250 лет назад, у Веренича – 2757±404 года, перекрывается в пределах погрешности, но статья на три года позже. И опять – никаких ссылок на мои работы и расчеты, хотя он их прекрасно знает. Про то, что у него опять погрешности в сотнях лет, а главное число – с точностью до единицы лет (расстояние до времени жизни общего предка!), уж не будем повторять. Безграмотность Веренича пределов не знает.

Так вот, о деревьях. Помогли они Вереничу? А уж расписаны в его статье на нескольких страницах. Там и минимальные связные графы, и редукция штейнеровских деревьев, и алгоритм Force Atlas 2 программы Gephi, и тест на молекулярную дисперсию AMOVA, и филогенетический старкластер, только все бестолку, поскольку применялись короткие 16-маркерные гаплотипы, а в базах данных уже давно сотни 67– и 111-маркерных гаплотипов. В итоге гора родила мышь, а то и просто пшик: получена датировка с погрешностью 15 %, а я в одно касание без всяких трехстраничных лаборантских рассуждений получаю датировку с лучшей точностью, и это три года назад. И что тогда стоят разглагольствования Веренича на «Троицком» о том, как важно работать с деревьями гаплотипов, оптимизуя их для большой точности?

Так что, отвечая на исходный вопрос – нет в методах ДНК-генеалогии тех «недостатков», которые критики так хотели бы видеть. Нормальные методы, работающие, решающие поставленные задачи.

>> **«Нет смысла особо обсуждать недостатки методов, используемых Клёсовым. Они, может быть, и не лучшие из возможных, но, как я понял, имеют свою область применения и не выходят за пределы науки» (Alex).** Ответ – они лучшие из возможных, в смысле – которые вообще применяются. Постепенно подтягиваются методы, основанные на снипах, по сути методы геномного анализа, только ограниченные Y-хромосомой. Но точность тех методов пока во многих случаях практически неприемлема. Многочисленные примеры даны выше в этой книге.

Еще пример. До последнего времени анализ по снипам проведен на 77 носителях гаплогруппы R1a-Z280. У всех в принципе должно быть одинаковое количество снипов от «узла» Z280 до настоящего времени. На самом же деле количество снипов у этих 77 человек

варьировалось от 22 до 45. Если нужно пояснить понятнее, то вот количество человек с соответствующим количеством снипов от Z280 до нашего времени (первое число – количество снипов в «лесенке», вторая – у скольких человек это количество снипов обнаружено): 22-1, 23-0, 24-1, 25-0, 26-1, 27-0, 28-0, 29-5, 30-1, 31-6, 32-7, 33-8, 34-3, 35-5, 36-7, 37–10, 38-7, 39-4, 40-1, 41-3, 42-1, 43-4, 44-0, 45-2.

Среднее число снипов – 35. Поскольку «возраст» субклада Z-280 примерно 4900 лет, то получаем, что в среднем снипы образуются раз в 140 лет, но с широким показателем неопределенности. Между крайними величинами получим, что снип образуется с частотой между 107 и 169 лет.

Так что Балановский, уверяя на «Троицком», что по снипам считать уже точнее, чем по гаплогруппам, показал незнакомство с материалом. А зачем он так сказал, если не знает? Да просто потому, чтобы активно намекнуть, что методы ДНК-генеалогии неточные и уже устаревшие. Впрочем, он это говорил и открытым текстом. Страшно далек он от науки.

>> **«Так всё-таки, работают методы Клёсова или нет? Ну пусть Клёсов не разобрался, применяет их заведомо неправильно, делает некорректные выводы. А правильные, самые наилучшие методы могут что-либо сообщить о хождениях древних народов?» (Alex).** Остается только посмеяться. Вот в таком ключе и проходила «дискуссия» на «Троицком». Здесь некто Alex резюмирует результаты обсуждения, при фактическом завершении дебатов. Хотя дебатов и не было, так, междусобойчик. Но забавно, что такой и оказался «вердикт подписантов». Не разобрался, методы заведомо (!) неправильные, выводы некорректные. И это при том, что методы не обсуждались, выводы были искажены и передернуты, и дискутанты так и не поняли, можно ли по шлейфам ДНК и по ископаемым гаплотипам узнавать о древних миграциях. И при этом дружно осуждали. Ну не цирк?

>> **«Результаты и выводы ДНК-генеалогии опасны для общества» (Клейн, Балановская, Балановский, Denny).** Интересно, не так ли? Это на «дискуссии» было с самого начала выставлено как аксиома. И все дружно ее повторяли, потому что так надо. Опасно – потому что разбивает норманизм, не оставляет от него камня на камне. Потому что выявляет древние корни русского народа. Потому что работает на русскую национальную идею. Потому что ломает догмы историков, археологов, лингвистов, а им это ни к чему. Вот на что следует обратить внимание тех в науке и в руководстве страной, которые «принимают решения».

И под занавес – несколько частных наблюдений по дискуссии.

Посмотрим на самые последние комментарии, когда, казалось бы, их авторы должны были хоть что-то вынести из обсуждения. Но нет, не вынесли, хотя опять дружно произносят слово «лженаука». Вот, например:

>> *Alex (один из самых активных в дискуссии, в первой пятерке): «Если по современному распределению гаплогруппы вообще нельзя делать выводы о её истории (по крайней мере, для достаточно старых и распространённых гаплогрупп) – следовательно, любые рассуждения о R1a или R1b изначально лишены всякого смысла – следовательно, «ДНК-генеалогия» это лженаука, что и требовалось доказать».*

Занятно, не так ли? Человек так и не понял, что в ДНК-генеалогии «распределение гаплогрупп» практически не учитывается, это вспомогательный, иллюстративный материал (а в популяционной генетике – это главный, потому что попгенетика в основном описательная дисциплина). В ДНК-генеалогии главные исходные показатели – это датировка гаплогрупп (субкладов, ветвей) и их базовые гаплотипы. Это – два основных понятия и параметра. Например, на Балканах гаплогруппа I2a очень распространена, до 40–45 % от всех, а датировка – относительно недавняя, примерно 2300 лет до общего предка, конец прошлой эры. Вот это уже можно сопоставлять с данными истории, миграциями славян в

Восточной Европе. Тот факт, что на другом конце Европы, на Британских островах, та же I2a, и того же субклада (до определенного уровня), и датировка ее тоже определяется, и базовые гаплотипы можно сравнивать, а отсюда появляется датировка их общего предка, и все это укладывается в драматическую историю носителей гаплогруппы I2a в Европе в III тыс. до н. э. Ничего этого A1ex не знает, и понятия не имеет. А вот *«лженаука, что и требовалось доказать»* у него всегда готово. Опять – и такой человек работает в РАН?

>> *Е. Балановская: «Вы обсуждаете статью, написанную провинциальными учеными, опубликованную в провинциальном журнале (у которого я не знаю иных достоинств, что ваковский!)»*

Мерилом любой статьи является ее содержание, а не «провинциальные ученые» или «провинциальный журнал». Кто этого не понимает и не разделяет, тот скорее бюрократ «от науки», а не ученый.

Лингвист Касьян, подписант. В «дискуссии» – моралист. Обвинял меня «за грубость». Теперь посмотрим на истинное лицо этого моралиста. Карачаевцы прислали мне скриншот «дискуссионного сообщения» Касьяна в адрес одного из их коллег и соплеменников. Они хотели узнать мое мнение, примут ли в московском суде это к обвинению по национальной розне и разжиганию вражды на национальной основе. Я не могу привести эти несколько строк полностью, но копия скриншота у меня есть. Если среди читателей есть юристы, которые захотят заняться этим делом, я свяжу их с теми карачаевцами. Вот текст с купюрами:

Автор – Алексей Касьян: *«Во-первых, тупой карачаевец, повторяю еще раз: я маму твою е., причем в особо извращенной форме: в п., рот и ж. И мне не понравилось, х. у тебя мама, да и сын у нее дебил. Во-вторых, у меня свобода слова…* ».

Моралист, да? Подписант того письма 24-х, между прочим. Выводы каждый пусть делает сам.

ДНК-генеалогия в кривых зеркалах…

Я умышленно не написал, в чьих кривых зеркалах отражается якобы ДНК-генеалогия. Это и зеркала политических националистов, и людей заблуждающихся и коверкающих представления о ДНК-генеалогии, и людей, умышленно передергивающих суть вопроса. Взять, например, печально известную Е. Балановскую, которая внезапно сбросила с себя одежды то ли страстотерпицы, поскольку я ее уже шесть лет до того нещадно критиковал за мусор в академической литературе, и она покорно терпела, поскольку возразить было нечем, то ли ученой дамы, кем она успешно прикидывалась долгое время, но поняла, что это прикидывание долго продолжаться не может.

Короче, она пошла в агрессивную атаку, в которой науки нет никакой. Да и быть не может, какая там у нее вместе с О. Балановским наука? Брать образцы крови и слюны в поездках «в поле» – дело хорошее и нужное, только это не наука, это лаборантская деятельность. Расчеты, проводимые по полученным данным на основании неверной методологии, а именно «популяционных скоростей», они же «скорости Животовского», рассыпались как карточный домик, что, впрочем, им объяснили те же шесть лет назад, только они делали вид, что не понимают. Они и сейчас делают вид, что не понимают – слова Балановской об авторе этих строк, что он *«обрабатывает (мутации в гаплотипах) неизвестными методами и «получает красивые результаты на потребу публике»* и сейчас красуются на «моей» страничке в Википедии. Беда в том, что эти «неизвестные методы» дают те же результаты, что и независимые расчеты по снипам (компания YFull), которые активно пошли в течение последнего года. Так что, видимо, и YFull получают данные «на

потребу публике».

Или Е. Балановская мало, что не понимает в расчетах, но и злонамеренно передергивает.

Еще мелкий пример, так, походя. Из беседы Е. Балановской с главным редактором журнала «Панорама Евразии» А. Бердиным: *На этом строится фантасмагория ДНК-генеалогии А.А. Клесова, которую он теперь называет «научным патриотизмом».* Почему «фантасмагория» – ни одного примера не приведено, как обычно. В тех кривых зеркалах науки нет и близко, есть лозунги, восклицания, порой истерика. Типа «Провал ДНК-генеалогии в Академии наук», когда авторов этого пасквиля самих изгнали из зала заседаний на конференции в РАН. Так чей провал-то был? Кто изготовил фальшивую «резолюцию» из «Академии наук», и тут же перенес ее в Википедию на «мою страницу», откуда она была снята редакцией через два дня как доказанная фальшивка? Она же и изготовила, Балановская. В другом место той же беседы – *«научный патриотизм» (так он сам переименовал свою ДНК-генеалогию»).*

Как видно, это у Балановской идея-фикс – «переименовал ДНК-генеалогию», дважды к этому возвращается. И опять ложь – с каких это пор ДНК-генеалогия была «переименована»? Цитирую свой очерк – «научный патриотизм, ввожу новый термин», и где там переименовывание? Вот как описывает это понятие та же Википедия: *«Суть «научного патриотизма» заключается в защите от того, что А. А. Клёсов считает попытками своих оппонентов умалить значимость русских и вообще славян в научных исследованиях. Проявлением «научного патриотизма», по его мнению, является антинорманизм. По объяснению автора, «ДНК-генеалогия резко сдвигает баланс в сторону научного патриотизма, показывает, что норманизм – это фантом, это просто мировоззрение, русофобство по своей сути…».* Ну и где там «переименовывание»? Вот это и есть кривые зеркала. Вряд ли Балановская является националисткой (а если да, то уж точно не на стороне русских, читайте мой очерк на Переформате про Украину, про то, как Балановские «генетически» оторвали Украину от России, что совершенно неверно), и вряд ли заблуждается, когда передергивает. Безграмотность ее проявляется в другом – когда она (как и сын) постоянно называет гаплогруппы-гаплотипы «генофондом».

Генофонд, к их сведению, это совокупность генов, присущая данной (рассматриваемой) популяции. Они же в своих статьях и выступлениях настойчиво называют «генофондом» мутации в участках Y-хромосомы, которые и определяют гаплогруппы/субклады и гаплотипы. В Y-хромосоме, да будет им известно, генов очень мало, несравненно меньше чем в других хромосомах, и они не перекрываются со снип-мутациями и тандемными повторами, которые они почему-то называют «генофондом». Думаю, здесь дело не в элементарной безграмотности, а в умышленном «пиаре», поскольку для уха неспециалистов слово «генофонд» звучит основательно, придает важность их занятиям, явно заслуживает финансовых грантов. Иначе говоря, опять передергивания, подтасовки. Вот и появляются перлы типа «Разнообразие генофонда хакасов: внутриэтническая дифференциация и структура гаплогрупп Y хромосомы. Молекулярная биология (2011)», или «статья о Y-генофонде России». Какой Y-генофонд? Да никакой, безграмотность полная.

Еще относительная мелочь, чтобы проиллюстрировать кривые зеркала тех, кто передергивает. На «моей» страничке в Википедии о ДНК-генеалогии говорится, что ничего нового в ней нет (здесь ссылка не на статью, а на пасквиль Балановской и др., за 24 подписями, то есть имеем «циркулярное обсуждение», и далее – *«Однако исследования генетического разнообразия человечества ведутся на протяжении уже почти сотни лет»,* ссылка – на тот же пасквиль. Вопрос – а причем здесь «исле-дования генетического разнообразия человечества»? Это – не ДНК-генеалогия. ДНК-генеалогия не занимается «генетическим разнообразием», она занимается хронологией родов и племен человечества, древними миграциями с соответствующими датировками, что генетики никогда делать не умели. Оттуда и слова «неизвестными методами» у Балановской, это они ей неизвестные, другие давно освоили.

Но смотрим дальше. К этим словам в Википедии есть примечание: «Словосочетание «ДНК-генеалогия» известно как минимум с 1986 года», и приводится ссылка: См. Avise J.C., Ellis D. Mitochondrial DNA and the Evolutionary Genetics of Higher Animals (англ.) // Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences. Т. 312. № 1154. С. 325–342. DOI:10.1098/rstb.1986.0011.

Прекрасно, смотрим статью по ссылке. Буквы «DNA» повторяются в ней 163 раза (как правило, в сочетании mtDNA), но вот незадача – ни разу в сочетании DNA genealogy, или другом сочетании, которое можно было бы перевести как «ДНК-генеалогия». Так что ссылка фальшивая, а Википедии свои источники надо бы проверять.

Читаем дальше: *«Генетическая генеалогия имеет в России* (ссылка на упомянутый пасквиль) *и в других странах* (та самая фальшивая ссылка выше) *другое популярное название – ДНК-генеалогия, совпадающее с названием продвигаемой Клёсовым авторской концепции».* Да, конечно, совпадающее, например, в наших статьях в академических журналах, начиная с 2008 года, в тех, кто их цитирует, и кто принял это наименование новой дисциплины.

Но какое это имеет значение? Разве это Андрей Белый изучил физику ядерного распада и изобрел атомное оружие? А ведь это он написал еще в 1921 году стихотворение, в котором были строки:

Мир – рвался в опытах Кюри
Атомной, лопнувшею бомбой
На электронные струи
Невоплощенной гекатомбой.

Не в том дело, кто употребил впервые сочетание «ДНК-генеалогия», а в том, кто продвинул это направление, создав соответствующую методологию, проверив и перепроверив ее на сотнях примеров. Это был целый коллектив. Мне совершенно неважно, кто употребил впервые это сочетание – я или кто другой, но это, судя по комментариям, очень важно тем, кто пишет пасквили. Это для них очень важно. Они думают, что если кто-то где-то раз употребил, то это (почему-то?) дискредитирует современную ДНК-генеалогию.

Еще Википедия: *«При этом многочисленные исследователи, работающие в рамках генетической генеалогии, считают работы Клёсова некорректными* ». Дана ссылка. Ну, и кто эти «многочисленные исследователи»? Ба, опять О. Балановский, в единственном экземпляре. Ссылка на его сетевое высказывание.

Остается вслед за М.Н. Задорновым повторить – ну, тууупые! Все эти Балановские, Клейны, Касьяны, Губаревы, Запорожчен-ки, Вереничи, которые из кожи вон лезут, чтобы – как им кажется – дискредитировать, если отразить ДНК-генеалогию в их кривом зеркале.

Но в общем они безобидны, кто на них обращает внимание? Я на днях получил письмо от читателя, процитирую его целиком, сняв только строки про сексуальную ориентацию Л. Клейна, это его личное дело, и линк на сайт – зачем делать им рекламу? Упомяну только, что это сайт той же Балановской.

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Я очень редко захожу на сайт (...), а сейчас мне прислали ссылку на т. н. рецензию Клейна на Вашу книгу «Происхождение славян». Я ту рецензию еле осилил, такой лживый маразматичный бред он там несет и еще называет это рецензией. Но это уже не удивляет, смотрите, что он там еще пишет:

««Его фанаты так и понимают. В интернете уже высказывалось программное предложение устроить поголовное определение гаплогрупп и этническую чистку: всех, кто не покажет R1a1, убрать со всех высоких постов в России, вычистить из государственного аппарата, а лучше – выселить из России к чертовой матери. Россия – для истинных русских! Для R1a1! Это и есть единственный практический вывод из тезиса о славянскости гаплогруппы R1a1. Другого смысла эта идея не имеет. Таким образом, эта идея не только ложная, но еще и вредная. Как можно определять гаплогруппу, пусть даже такую

замечательную как R1a1, как славянскую?»

Самое интересное, что автор ссылки написал мне, что попробовал найти, где такое выложено, что процитировано, и кем, и оказалось, что ни гугл, ни яндекс ничего подобного не знает, за исключением самого Клейна. Все пути ведут к нему! То есть сам придумал лживый вброс и на него же ссылается! Очередной раз подтверждаются Ваши пассажи в его адрес. От этих лживых и нечистоплотных людей с сайта Балановской уже просто тошнит! Только не обижайте пожалуйста рептилий, они ни в чем не виноваты, это не серпентарий, а выгребная яма, которую хочется уже зарыть окончательно, но, боюсь, вонять еще будет долго.

Вот такие методы Клейна. Известные методы лживого политического доноса, освоенные Клейном еще в давние времена. Ну и к слову – гаплогрупп у славян много, помимо R1a. Это и I2a, и N1c1, и E1b, и R1b, и много минорных. Клейн у меня это, конечно, читал, и я писал ему об этом в личной переписке, которая опубликована. Но у Клейна страсть солгать, обмануть, передернуть, исказить. По-другому он не может, аргументов нет, нет знаний. Да и правды нет.

Но теперь хотел бы перейти к более серьезным высказываниям, международно-политического характера, так сказать. Послушаем Викторию Шилову, которая выступает по украинскому телевидению, или дает кому-то там интервью. Я не буду останавливаться на том, кто такая В. Шилова, сколько политических партий на Украине она поменяла, поскольку сейчас это не редкость, особенно на Украине. Скажу только, что это украинский политик ниже-среднего звена, которая то за Ляшко, то за Тягнибока, то за Донбасс. То В. Соловьеву слёзно звонит, жалуется на критиков ее переменчивой жизненной позиции. Опять же не редкость, не это предмет моего ее упоминания. А предмет то, что звучит в ее видеоролике об «арийском гене украинцев». Причем этот «арийский ген», оказывается, гаплогруппа R1a. Говоря это, В. Шилова подчеркнула, что знает, о чем говорит, так как она биохимик и генетик. И что это делает украинцев «настоящими арийцами». Там же было показано ее фото у плаката «Украина понад усе», что, как многие правильно догадались, «Украина превыше всех».

В том, что она биохимик и генетик, стоит усомниться. Биохимик и генетик не может не знать, что R1a – это не ген, это – метка в негенной части Y-хромосомы, которая к генам не имеет никакого отношения. Опять же пусть, могла плохо учиться, могла забыть материал. Могла прочитать и не понять, не запомнить, не усвоить. Можно много придумать или привести оправданий. Но тогда зачем с этим лезть в телепередачу или другой видеоматериал, об исключительности украинцев, у которых «56 % R1a», когда это вовсе не исключительность, даже если в каком-то регионе Украины найдены те самые 56 %? В среднем по Украине процентов на 10–15 меньше, но и это не имеет значения. В моей семье, если засчитать деда, отца и нас с братом, то получится ровно 100 %, но это что, важно с политической точки зрения?

Когда до В. Шиловой дошли комментарии об этом ее высказывании, она, как истинный политик, тут же перестроилась, сообщила, что ее слова вырваны из контекста, и что этот «ген R1a» имеют «80 народов мира», и он, этот «ген», вообще ничего не означает. Что якобы у якутов найдет тот же «ген». И что больше всех этого «гена» в Узбекистане (что, конечно, неверно).

Выводы делать не буду, их может сделать каждый. Не буду навязывать свою точку зрения, но ей поделюсь. Во-первых, в российском научном словаре нет слова «арийцы», есть арии. У слова «арийцы» в России есть неприятный привкус, с этим словом ГУГБ НКВД СССР арестовывали людей на основании разработки Секретно-политического отдела (СПО) под названием «Арийцы». В науке есть термин «арии». И тот и другой – вольный перевод слова ärya (с санскрита), Arya или Aryan (с английского) или arisch (с немецкого). Но почему-то многие склонны к переводу «арийцы», в науке не принятому. Во-вторых, исторически неверно называть сегодняшних украинцев, русских, белорусов или поляков «ариями». Это

аналогично тому, как называть их, во всяком случае первых двух, «Киевской Русью». Или современных жителей Египта называть «древними египтянами». Арии остались в далеком прошлом. И уж тем более называть украинцев или кого другого «истинными арийцами». Кроме дурного вкуса, это ничего не показывает.

Наконец, говоря о ДНК-генеалогии, надо понять, кто такие арии, кто такие украинцы (гаплогруппы R1a) и русские (гаплогруппы R1a). Наиболее разумное (есть такое понятие в науке) определение ариев в историческом контексте есть носители гаплогруппы/субклада R1a-Z645 и нисходящих субкладов, в исторический период от примерно 6000 до 2500 лет назад (IV–I тыс. до н. э.). На самом деле датировки могут сдвинуться вглубь времен, если это будет стыковаться с представлениями историков, которые они согласуют с ДНК-генеалогией. Верхний предел определяется датировками арийских культур в Иране и Индии, которые тоже при согласовании могут быть сдвинуты до начала новой эры и позже. Субклад R1a-Z645 образовался (расчет по снипам) примерно 5500 лет назад, нисходящий субклад Z93 -5000 лет назад, параллельный ему субклад Z280 – в те же времена, примерно 4900 лет назад. Поэтому 67– и 111-маркерные базовые гаплотипы субкладов Z280 и Z93 практически одинаковы, между ними всего несколько мутаций. Поэтому исторически и те, и другие можно назвать арийскими.

В настоящее время в Индии живут в основном потомки субкладов Z93-Z657, а на Русской равнине – потомки субклада Z280. Но это в основном, поскольку на Русской равнине встречаются Z93, а в Индии – наверняка будут Z280, при более широком тестировании. Если древними ариями считать потомков субклада R1a-Z645, то половина русских, украинцев, белорусов, поляков – потомки древних ариев. Никакого преимущества перед другими гаплогруппами это им не дает, и тем более не дает никакого превосходства. Рассуждать о каком-либо превосходстве или преимуществе – это и есть кривое зеркало национализма, с чего мы и начали этот очерк.

Балановщина

На днях получил письмо от читателя: *«Балановский обнародовал новую статью, она о датировках, скоростях, о ДНК-генеалогии и, как теперь обычно, Вам там уделено особое внимание. На мой взгляд, было бы интересно увидеть разбор этой статьи, она всё-таки о расчетах, чего раньше от попгенетиков не наблюдалось* ». Посмотрел. Опять типичная балановщина. Ключевые слова этого понятия – безграмотность, ложь, инсинуации. Собственно, балановщина – это и есть инсинуации вкупе с безграмотностью.

Напомню определение понятия «инсинуация». Инсинуация – злостный вымысел, подстрекательство, преднамеренное сообщение ложных отрицательных сведений (измышление, клевета), выставление мыслей и поступков своего противника в таком свете, который может ему повредить и имеющее целью опорочить, порой подаваемое намёком (т. е. не прямо, а косвенным указанием на факты и обстоятельства). Цель инсинуации – подорвать в слушателях и/или читателях доверие к объекту инсинуаций, следовательно, к его доводам или поведению. Недобросовестность при инсинуации заключается в том, что инсинуирующий, зная действительное положение дел, по какой-то причине с умыслом создает у инсинуируемого или у окружающих ложное отрицательное представления о нём. При этом используются сложные подменные хитросплетения. В отличие от мистификации, инсинуация – это всегда акт в устном и/или письменном виде, и намерение носит не характер розыгрыша противника, а стремление его опорочить в глазах окружающих людей, поэтому в первую очередь и адресована им. Исполняется она в несколько этапов. Инсинуация всегда направлена против конкретного определенного человека, который представляется для инсинуирующего как препятствие к реализации своих целей и получению преимущества. При инсинуации применяются обороты речи в мягкой, внушающей форме, незаметно вкрадывающиеся в умы слушателей, для избежания их неудовольствия **(из справочников и словарей).**

«Новая статья» Балановского называется «Дискуссии о датировках», с подзаголовком «из книги О.П. Балановского «Генофонд Европы». Никакой дискуссии там, конечно, нет. Для дискуссии надо знать тему. Балановский о ней имеет представление крайне слабое, и поэтому это не «дискуссии», а примитивное изложение «по понятиям» некоего середнячка неких устоявшихся представлений некоего подобия науки под названием «популяционная генетика». «Подобия науки» – потому что научной школы в популяционной генетике нет. Поэтому на протяжении последних полутора-двух десятков лет попгенетики генерируют откровенный мусор в своих изданиях, о которых с придыханием говорят, что они «индексированные», «ваковские» и прочие. Это уже показывает уровень их требований к своей «науке». Я десятки лет работал в лучших научных школах СССР и США, и никогда не слышал, чтобы лидеры и научные сотрудники этих школ произносили слова типа «индексированное» или «ваковское» издание. Надо публиковать свои работы, и надо, чтобы другие их читали и использовали в последующих исследованиях. Надо входить в информационные научные потоки. А там мир сам разберется, что было важным, а что не оказало влияния на развитие науки. «Ваковское издание» – это сугубо бюрократическое изобретение.

Вот и посмотрим на «дискуссии о датировках» Балановского, что там важно (или ничего?), что безграмотность, что инсинуации. Я не раз высказывал сожаление в публикациях, что попгенетики избегают обсуждений скоростей мутаций, потому что ничего в них не смыслят. Они ограничиваются общими словами, всегда негативными, никогда не дают конкретных примеров расчетов, а то, что в научных изданиях – у них всегда неверно, некорректно, неправильно. Впрочем, то же самое и в «дискуссии о датировках» Балановского – ни одного конкретного примера, опять общие слова.

Но это не просто так, не случайность. Балановскому очень хочется выглядеть «академичным», а в его системе координат «академичность» – это никогда ни на что не давать прямого ответа. Его «академичность» – это искажения, виляния, полуправда, но непременно с негативным исходом в отношении правды. Читать его измышления, честно говоря, противно, они производят отталкивающее впечатление. Возможно, потому, что они неряшливы, Балановский никогда не докапывается до первоисточников, и, не докопавшись, начинает искажать свою полуправду по своему усмотрению. Это – не академичность, это помесь безграмотности с обманом.

Логарифмический метод

Прежде чем начинать систематическую порку Балановского, возьмем всего один пример из его «дискуссий» как илюстрацию того, что сказано в предыдущих двух абзацах. Пример показательный. Он – о логарифмическом методе расчетов хронологии по гаплотипам, попросту говоря – расчет времени, когда жил общий предок рассматриваемой выборки гаплотипов. Этот метод с давних пор не дает покоя Балановскому. Причина проста – метод новый для тех, кто работают с ДНК, метод простой и эффективный. Но Балановский как середнячок, который сам ничего нового никогда не изобретал и не придумывал, ненавидит все новое и оригинальное. Для него все новое – раздражительный фактор. Казалось бы, если метод простой и эфективный – возьми на вооружение; если по каким-то причинам (например, по непониманию) не нравится – проходи мимо, не принимай на вооружение. Но нет, Балановскому непременно нужна инсинуация, дискредитация, нужно «разрушить», как ему представляется. Какая уж там «академичность»…

Кто не знает, что такое логарифмический метод – вот простой пример, который я опубликовал для пояснения метода в далеком 2008 году, в первом (июньском) выпуске Вестника Российской Академии ДНК-генеалогии, в статье под названием «Основные положения ДНК-генеалогии» на английском языке, и во втором (июльском) выпуске, уже на русском языке. Чтобы не загромождать читателя числами и расчетами, полезными больше для специалистов, вынесем это во врезку на странице. Кого детали не интересуют, можно пропустить, не читая. Вывод прост – логарифмический метод (в котором мутации не

считают, считают только гаплотипы) дает верные и воспроизводимые результаты, совпадающие с линейным методом (в котором мутации считают) в пределах погрешности расчетов.

Еще в 2008 году я рассмотрел 68 гаплотипов шотландского семейства МакДоналдов гаплогруппы R1a, общий предок которых согласно документальным генеалогиям умер в 1386 году. Среди них было 53 одинаковых гаплотипа в **6-маркерном** формате (а в остальных 15 гаплотипах суммарно было 17 мутаций от этих одинаковых гаплотипов), и 42 одинаковых гаплотипа в **12-маркерном** формате (в остальных 26 гаплотипах было 44 мутации). В то время, семь лет назад, константа скорости мутаций для 6-маркерных гаплотипов была оценена как 0.0096 мутаций на гаплотип за условное поколение в 25 лет, а для 12-маркерных гаплотипов – как 0.024 мутаций на гаплотип за 25 лет. Логарифмическая формула дала для 6-маркерных гаплотипов время, когда жил общий предок [ln(68/53)]/0.0096 = 26±4 условных поколений, то есть 650±100 лет назад, и для 12-маркерных гаплотипов [ln(68/42)]/0.024 = 20±4 условных поколений, то есть 500±100 лет назад. Как мы видим, полученные величины находятся в пределах погрешности расчетов, неважно, 6– или 12-маркерные гаплотипы.

Более того, если применить линейный метод расчета, по мутациям в гаплотипах, то получим для 6-маркерных гаплотипов 17/68/0.0096 = 26±7 условных поколений (650±175 лет) до общего предка МакДоналдов, и для 12-маркерных гаплотипов 44/68/0.024 = 27±5 условных поколений (675±125 лет) до общего предка. Мы видим, что все эти величины близки друг к другу (формально – одинаковы в пределах погрешности расчетов), и они соответствуют документальной генеалогии семейства МакДоналдов гаплогруппы R1a, согласно которой их общий предок жил между 620 и 680 лет назад.

С тех пор немного подправились константы скоростей мутаций для 6– и 12-маркерных гаплотипов, после сравнительного изучения десятков и сотен серий гаплотипов, но метод, естественно, остался тем же, как и выводы из расчетов по гаплотипам МакДоналдов. Напомним, что метод был введен в июне 2008 года.

В октябре того же года в Вестнике № 4 была опубликована совместная статья (Адамов Д.С., Клёсов А.А. «Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы») и следующей в том же выпуске была статья Д.С. Адамова «Расчет возраста популяции якутов, принадлежащих к гаплогруппе N1c1». В первой логарифмический метод не упоминался, только линейный, со ссылкой на мою статью в Вестнике № 2 (на русском языке). Во второй статье Д. Адамов использовал логарифмический метод, со словами *«Используемый метод впервые был описан в работах А.А. Клёсова по основам ДНК-генеалогии»,* ссылка опять на Вестник № 2. После приведения формулы логарифмического метода, Д. Адамов сопровождает ее словами *«Эта формула была впервые получена АА. Клёсовым из уравнения кинетики первого порядка»,* ссылка опять на Вестник № 2.

Смотрим теперь на «новую статью» Балановского. Но сначала отметим ее стиль, который пронизывает всю статью. Это – ее неправдивость. Акценты «дискуссии» полностью смещены. Говоря о печально известной «популяционной скорости Животовского», ни слова о том, какое множество статей, в которых ее использовали попгенетики, пришли к неверным расчетам, выводам, интерпретациям, в том числе и статьи Балановских и их последователей. Везде, где Балановский заводит речь о ДНК-генеалогии, его стиль становится негативным, все достижения принижаются; везде, где речь идет о сомнительных методах попгенетики и тех, на которые попгенетика претендует, их оценка завышается. Это что, «академичный» подход? Нет, это просто ловкость рук. Но это хорошо для данного разбора «дискуссии» Балановского, материал для порки отличный. Во всяком случае, для образовательных целей.

Так вот, о логарифмическом методе. Что пишет Балановский? Фраза № 1 – *«этот метод используется только в генетической генеалогии и в ДНК-генеалогии».* Какая «генетическая генеалогия»? Кто в этом суррогате использует логарифмический метод? Где

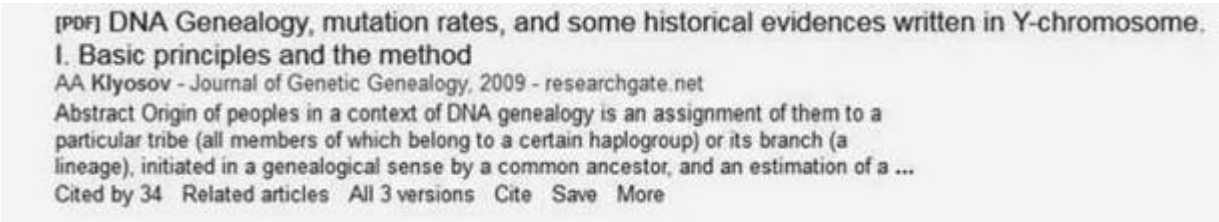
хотя бы один пример из «генетической генеалогии»? Нет таких. Вывод – Балановский не знает то, о чем пишет.

Фраза № 2 – *«Этот метод… не был опубликован в признанных научных журналах».* А какие «признанные» – определяет, конечно, сам Балановский, но в данном случае он «пролетел». Статья, в которой логарифмический метод был опубликован еще в 2009 году, это статья в журнале Human Genetics, одном из ведущих журналов мира по генетике человека. Цитирую, в каком виде он там изложен:

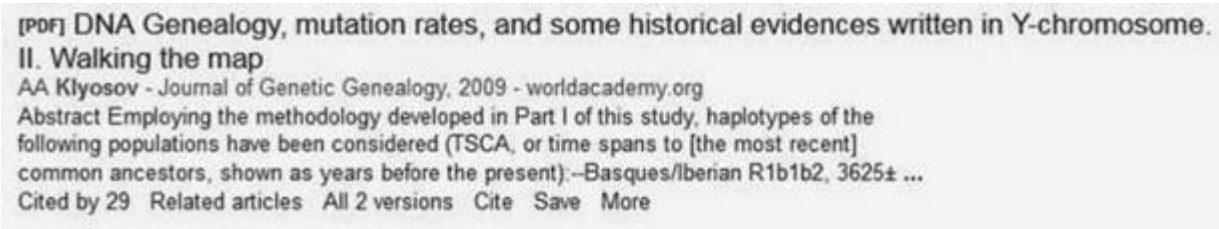
Since all 98 haplotypes contain 16 base (identical to each other) 22-marker haplotypes (see above), it gives – employing the logarithmic method (see the last section of this paper) – ln(98/16)/0.047 = 39 generations (without a correction) or 41 generations (with the correction), i.e., 1,025 ybp to a common ancestor for Cohanim J1e* haplotypes. Since the logarithmic and the «linear» methods give the same dating to the common ancestor, it means that there was indeed just one common ancestor for the whole series of 98– of 22-marker haplotypes (see the last section), who lived about 1,075±130 ybp.

Перевод: «Поскольку все 98 гаплотипов содержат 16 базовых (идентичных друг другу) 22-маркерных гаплотипов, это дает – применяя логарифмический метод (см. последний раздел в этой статье) [ln(98/16)]/0.047 = 39 поколений (без поправки), или 41 поколение (с поправкой), то есть 1025 лет до общего предка для гаплотипов коэнов субклада J1e*. Поскольку логарифмический и «линейный» методы дали одинаковую датировку общего предка, это означает, что этот общий предок действительно существовал для всей серии из 98 гаплотипов в 22-маркерном формате (см. последний раздел), и он жил примерно 1075±130 лет назад».

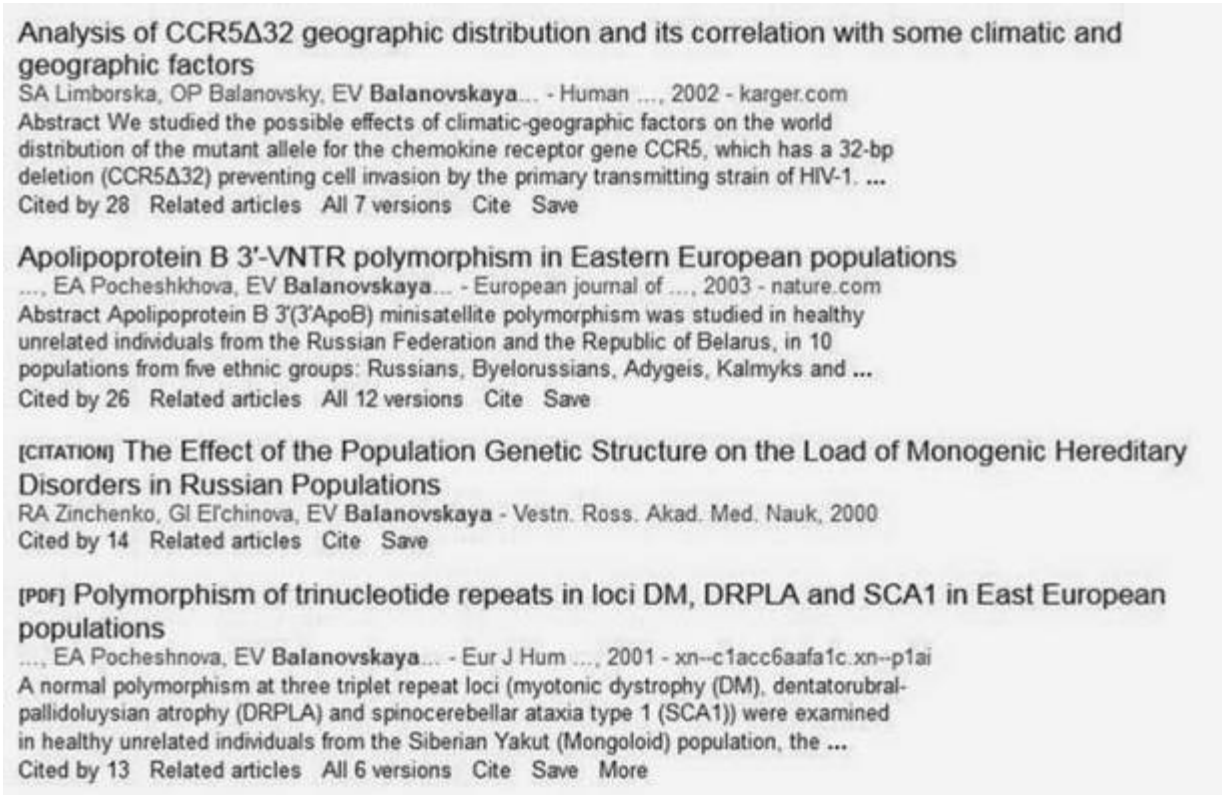
С тех пор логарифмический метод был опубликован во многих статьях, и не прерогатива Балановского решать, «признанные» или «не признанные» там журналы. Например, статья, в которой был опубликован логарифмический метод, и в названии которой стоит «ДНК-генеалогия», была процитирована 34 раза


[PDF] DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method
AA Klyosov - Journal of Genetic Genealogy, 2009 - researchgate.net
Abstract Origin of peoples in a context of DNA genealogy is an assignment of them to a particular tribe (all members of which belong to a certain haplogroup) or its branch (a lineage), initiated in a genealogical sense by a common ancestor, and an estimation of a ...
Cited by 34 Related articles All 3 versions Cite Save More

и еще одна статья – процитировано 29 раз,


[PDF] DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map
AA Klyosov - Journal of Genetic Genealogy, 2009 - worldacademy.org
Abstract Employing the methodology developed in Part I of this study, haplotypes of the following populations have been considered (TSCA, or time spans to [the most recent] common ancestors, shown as years before the present):--Basques/Iberian R1b1b2, 3625± ...
Cited by 29 Related articles All 2 versions Cite Save More

Заметим, что целая обойма статей некой Е. Балановской до этого уровня цитируемости не дотягивает:



Analysis of CCR5Δ32 geographic distribution and its correlation with some climatic and geographic factors
SA Limborska, OP Balanovsky, EV **Balanovskaya**... - Human ..., 2002 - karger.com
Abstract We studied the possible effects of climatic-geographic factors on the world distribution of the mutant allele for the chemokine receptor gene CCR5, which has a 32-bp deletion (CCR5Δ32) preventing cell invasion by the primary transmitting strain of HIV-1. ...
Cited by 28 Related articles All 7 versions Cite Save

Apolipoprotein B 3'-VNTR polymorphism in Eastern European populations
..., EA Pocheshkhova, EV **Balanovskaya**... - European journal of ..., 2003 - nature.com
Abstract Apolipoprotein B 3'(3'ApoB) minisatellite polymorphism was studied in healthy unrelated individuals from the Russian Federation and the Republic of Belarus, in 10 populations from five ethnic groups: Russians, Byelorussians, Adygeis, Kalmyks and ...
Cited by 26 Related articles All 12 versions Cite Save

[CITATION] The Effect of the Population Genetic Structure on the Load of Monogenic Hereditary Disorders in Russian Populations
RA Zinchenko, GI El'chinova, EV **Balanovskaya** - Vestn. Ross. Akad. Med. Nauk, 2000
Cited by 14 Related articles Cite Save

[PDF] Polymorphism of trinucleotide repeats in loci DM, DRPLA and SCA1 in East European populations
..., EA Pocheshnova, EV **Balanovskaya**... - Eur J Hum ..., 2001 - xn--c1acc6aafa1c.xn--p1ai
A normal polymorphism at three triplet repeat loci (myotonic dystrophy (DM), dentatorubral-pallidoluysian atrophy (DRPLA) and spinocerebellar ataxia type 1 (SCA1)) were examined in healthy unrelated individuals from the Siberian Yakut (Mongoloid) population, the ...
Cited by 13 Related articles All 6 versions Cite Save More

[CITATION] Etnogenomika i genogeografiya narodov Vostochnoi Evropy (Ethnogenomics and Gene Geography of East European Populations)
SA Limborska, EK Khusnutdinova, EV **Balanovskaya** - 2002 - Moscow: Nauka
Cited by 11 Related articles Cite Save

[CITATION] Ethnogenomics and gene geography of peoples from eastern Europe
SA Limborska, EK Khusnutdinova, EV **Balanovskaya** - 2002 - Nauka, Moscow
Cited by 9 Related articles Cite Save

[CITATION] ETHNOGENETICS-ON ALIGNMENT OF ADAPTIVE AND SELECTIVELY-NEUTRAL GENETIC DIFFERENTIATION IN ETHNOSES
YG Rychkov, EV **Balanovskaya** - Genetika, 1990 - MEZHDUNARODNAYA KNIGA 39 ...
Cited by 8 Related articles Cite Save

The Russian gene pool: Gene geography of serum gene markers (HP, GC, PI, and TF)
EV **Balanovskaya**, OP Balanovsky, VA Spitsyn... - Russian Journal of ..., 2001 - Springer
Abstract The study continues the series of works on the Russian gene pool. Gene geographic analysis of four serum gene markers best studied in the Russian population (HP, GC, PI, and TF) has been performed. Gene-geographic electronic maps have been ...
Cited by 7 Related articles All 6 versions Cite Save

Ну так не затруднит еще раз повторить, что там про «признанные журналы»?

Поехали дальше. Фраза № 3 Балановского: *«...я затрудняюсь привести точную ссылку – но среди пользователей метода общепринято считать, что он был разработан Дмитрием Адамовым и Анатолием Клёсовым».* Здесь сразу три передергивания и искажения – (i) что он «затрудняется» привести точную сылку, хотя она доступна и выложена на сайтах, в том числе на сайте Академии ДНК-генеалогии[269], (2) что пишет *«среди пользователей (логарифмического) метода»,* не поясняя, что это за такие таинственные «пользователи», которые что-то *«общепринято считают»* и, видимо, ставят об этом в известность Балановского; так вот, таких «пользователей» Балановский сам придумал, чтобы на них

269 http://dna-academy.ru/proceedings/

свалить свою безграмотность, и (3) про *«общепринято считать»* что метод был разработан… и так далее. Д.С. Адамов – грамотный математик, но логарифмический метод он не разрабатывал, см. выше. Он его использовал и ссылался при этом на мою работу, опубликованную ранее.

Думаю, любой уже понял, что Балановский литературу не читает, не знает, но вдохновенно импровизирует, передергивая и искажая. Это что, «академический подход»? Нет ничего дальше от него. Балановский – безграмотный ремесленник, не более того. Надо сказать, что дело вовсе не в авторстве метода, я за авторством не гонюсь, и уж тем более в логарифмическом методе, который я описывал еще в учебнике по химической и ферментативной кинетике для вузов в далеком 1976 году. Дело в том, что Балановский использует любой повод, чтобы исказить состояние дел. Это – не академический ученый, и рано или поздно его из науки погонят. На пользу и оздоровление самой науки.

Далее, Балановский пишет, опять про логарифмический метод – *«Этот метод требует только знания того, какой гаплотип является исходным* ». Да ничего подобного! Когда среди 98 гаплотипов коэнов 16 были идентичны друг другу, то никакого «требует знания исходного гаплотипа» там нет. Ясно, что эти 16 – предковые гаплотипы, или базовые, что в данном случае одно и то же. Аналогично, когда среди 68 гаплотипов МакДоналдов 53 или 42 гаплотипа (в разном формате гаплотипов) были идентичны друг другу, то это тоже не требовало «знания исходного гаплотипа». Напротив, логарифмический подход это знание дает. Балановский не имеет об этом никакого понятия, поскольку сам этот метод никогда не применял. Потому и излагает «по своим понятиям», а не по науке, путая причину со следствием.

Чтобы закончить с логарифмическим методом, которому Балановский посвятил изрядную часть своей «новой статьи», пройдемся по другим свидетельствам его безграмотности. В своем страстном желании принизить значимость и удобство метода, Балановский начинает неумело и неквалифицированно «сравнивать» логарифмический метод с другими, о которых он тоже имеет неважное представление. Балановский пишет, что «*таким же достоинством обладает и метод ASD».* Опять, ничего подобного. Опять сказывается полное отсутствие практической работы, потому и получается ерунда. Заметим, что ни одного примера Балановский не приводит, по простой причине – он просто не владеет материалом. Только подумайте, с кем он надумал тягаться.

Так вот, простой пример – имеем 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате, общее число аллелей 384 тысячи 726. Вопрос – сколько времени нужно, чтобы вручную найти все мутации от базового гаплотипа, и вычислить время до общего предка всей серии гаплотипов? И частный вопрос – сколько времени для этого понадобится Балановскому? Ответ – вопрос некорректный, он с этой задачей вообще не справится. Не тот уровень. Не та квалификация. Вопрос – сколько времени для решения задачи об общем предке понадобится мне? Ответ – с использованием логарифмического метода – несколько минут. Для этого, используя функцию «сортирование» в Excel, нахожу, что в 12-маркерном формате среди 3466 гаплотипов имеются 249 идентичных друг другу, то есть базовых, или предковых, гаплотипов. Получаем [ln(3466/249)]/0.02 = 132 ^152 условных поколений, то есть 3800±450 лет до общего предка. Это – первое преимущество логарифмического метода, а именно скорость и простота вычислений. Второе преимущество – возможность сопоставить результаты расчетов с линейным методом. Используя калькулятор Килина-Клесова, получаем за секунду, что расстояние до общего предка всех 3466 гаплотипов в 111-маркерном формате равно 3810±381 лет, а в 67-маркерном формате 384±384 лет (результаты расчетов умышленно не округляли). Разницы между логарифмическим и линейным (то есть по мутациям) методами расчета практически нет, на уровне сотых долей процента, хотя погрешность расчетов там умышленно завышена. Таким образом, второе преимущество, указанное выше, это возможность перекрестной проверки логарифмического и линейного методов. Если результаты совпали – значит, действительно выборка правильная, и формально вся серия из 3466 гаплотипов имеет одного общего предка, который жил

3800±400 лет назад.

Кстати, в качестве дополнительного «бонуса» калькулятор сообщает, что во всех 3466 гаплотипах число мутаций от базового гаплотипа равно 92120 в 111-маркерном формате, и 56200 в 67-маркерном формате.

Ну и какая цена сотрясанию воздуха от Балановского – *«таким же достоинством обладает и метод ASD».* Это каким «таким же достоинством»? (ASD – это англоязычное сокращение от «усредненное квадратичное различие».) Не ответит Балановский, потому что знаний нет. Подобную же ерунду он пишет и далее – *«ведь стоит в выборке случайно оказаться не двум, а трем или одному образцам с исходным гаплотипом, и его доля изменится в полтора-два раза, а значит, кардинально изменится и оценка возраста».*

Откуда он взял «двум, трем или одному образцам»? Кто применяет в таких случаях логарифмический метод? Выше даны примеры для 53, 42, 16, 249 базовых гаплотипов в выборке, вот когда нужно применять логарифмический метод. Для двух «образцов» погрешность составит ±71 %, для трех ±59 %. Кому нужны такие расчеты, кроме попгенетиков?

Когда квалификация низкая, любой вопрос доводят до абсурда. Это напомнило мне давнюю лекцию по телевидению, когда лектор со знающим видом сообщал, что при езде на автомобиле на низкой передаче расход топлива выше, и привел пример, что если двигаться по шоссе на первой передаче со скоростью 60 км/ час, то расход топлива будет большой. Вот Балановский – тот же по стилю лектор. Он заключает раздел о логарифмическом методе – *«расчет по доле исходного гаплотипа не оптимален ни в каком случае».* «По доле исходного гаплотипа» – это просто чтобы название «логарифмический метод» не использовать, пепел стучит в сердце Балановскому, когда речь о новых, прогрессивных подходах. В итоге он заговаривается, поскольку очень хочется принизить значимость, ну просто очень… Самое смешное, что об «оптимальных методах расчетов» рассуждает Балановский, ошибки у которого в расчетах датировок систематически равны как минимум 250–350 %.

О константах скоростей мутаций

Я столько внимания уделил малограмотной писанине Балановского о логарифмическом методе, поскольку в этой «критике» отражается вся убогость познаний Балановского, и его манера вилять при рассмотрении любого вопроса, буквально как уж на вилах. Остальное в том же духе, но придется рассмотреть, хоть и противно.

Опустим пустую говорильню, которой заполнена «дискуссия» Балановского как минимум на три четверти. Примеров, как я уже упоминал, у него ни одного нет. Это – явный признак той самой пустой говорильни. Опять про *«молекулярные часы», «где время отсчитывается происходящими мутациями».* Добро бы он это сам придумал, так нет, просто обезьянничает. Я ему уже объяснял, что часы никому не нужны, если они время неправильное показывают. А чтобы «молекулярные часы» показывали правильное время, нужны выверенные константы скоростей мутаций. Вот этого у Балановского нет ни в статьях, ни в этой «дискуссии». Потому и пустая говорильня. Даже формулы для расчетов хронологии по мутациям бесполезны, если константы не определены и не выверены. В этом и есть принципиальный вклад ДНК-генеалогии – сопряжение расчетного аппарата с калиброванными и перекрестно проверенными константами скоростей мутаций. Об этом у Балановского – ни слова.

А что у него тогда вообще есть? Да ничего, та же пустая говорильня. *«Если скорость мутаций постоянна, то часы будут работать»,* – изрекает он. Опять, кому такая «работа» нужна? Неверные часы тоже работают, отставая или торопясь на сотни минут, но кому такие нужны? Не *«скорость мутаций постоянна»,* это само собой разумеется, и это в ДНК-генеалогии детально показано, что константы скоростей мутаций одинаковы в разных гаплогруппах и на любых реальных временах вплоть до миллионов лет назад, а то, что скорость мутаций должна быть выражена в конкретных величинах, и для индивидуальных констант скоростей для каждого из 111 маркеров, и для «кумулятивных» констант скоростей

мутаций для гаплотипов любого заданного формата. Вот что нужно иметь для правильных расчетов. У Балановского и об этом ни слова. Как можно вообще без этого рассуждать о хронологических расчетах – уму непостижимо. Потому и у Балановского пустота – и информационная, и интеллектуальная. И в этой «новой статье», и вообще, по жизни, так сказать. Одно с другим связано.

Один за другим идут выхолощенные пассажи, типа *«выявление и датировка времени их («кластеров») происхождения стали важным аспектом многих современных исследований Y-хромосомы».* И вот так – вся статья. Ничего конкретного. Забавно, что первой ссылкой на пассаж выше идет ссылка на Л. Животовского, его печально известную работу 2004 года, в которой была введена «популяционная скорость», приводящая к завышениям датировок на 300 % (!) (как соглашается Балановский, приводя это число). Уже больше десяти лет попгенетика с использованием этой «скорости» генерирует мусор в академической печати, что фактически похоронило попгенетику как науку. А Балановский не обучаем, опять приводит эту ссылку как основную, первую в серии. Сами ссылки, кроме номеров, в статье Балановского не приведены, но к неряшливости Балановского и попгенетиков мы уже привыкли. Что ни делают, всё тяп-ляп.

Повторяя зады попгенетики, Балановский утверждает, что *«для STR гаплотипов Y-хромосомы… были предложены две скорости: "эволюционная" и "генеалогическая"».* Опять неверно, нет «эволюционной скорости», это была грубая (и глупая) ошибка. Нет и «генеалогической скорости». Они разные для всех маркеров и гаплотипов. Для 6-маркерных гаплотипов скорость мутации равна в среднем 0.00123 мутаций на маркер на условное поколение, в то время как индивидуальные скорости мутаций для каждого из шести маркеров разные, и для DYS393 она равна 0.00059 мутаций на маркер за 25 лет (условное поколение), для DYS390 равна 0.00220 (в той же размерности), для DYD19 равна 0.00179, для DYS391 равна 0.00220, для DYS388 равна 0.00022, для DYS392 равна 0.00040. Какие там «генеалогические» скорости? Нет таких. Это каменный век попгенетики, который, впрочем, продолжается. Потому что нет у них научной школы.

Столь же примитивно описывается и метод расчета датировок с помощью ASD. В исполнении Балановского – это вообще верх бессмыслицы. Как пишет Балановский – для этого метода *«Проводится расчет отдельно для каждого STR-маркера, а затем результаты по всем маркерам усредняются».* Иначе говоря, берется некая смесь гаплотипов, невесть откуда появившихся, ничего о них знать не нужно, все сваливается в кучу, усредняется вдоль и поперек, и вуаля – получаем время до «общего предка» всей этой кучи, в которой этих предков – свой для каждой подкучи. Так «метод Животовского» и работал. Все усредняли и делили на «популяционную скорость» 0.00069 мутаций на маркер на 25 лет. Тоже был ASD. И получали завышения датировок в два-четыре раза, но могло быть в любое количество раз. Так в чем разница? Что, уже другую константу брать нужно, не «скорость Животовского»? Тогда какую? Нет, не даёт Балановский ответа. Не может он выйти за пределы «метода Животовского».

А на самом деле нельзя так делать. Надо решить две отдельных и независимых задачи. Первая – разделить эту исходную смесь гаплотипов на отдельные ветви, или «кластеры», у каждого из которых есть один, свой общий предок. Расчет надо вести для каждой ветви отдельно. Вторая – применить конкретную константу скорости мутаций для конкретных гаплотипов, из которых состоит каждая отдельная ветвь. Балановский же делает все чохом, без разделения на ветви, а какую константу скорости мутаций применять – не знает. Потому что он с этим не работает. Но бестолковые «дискуссии» ведет, как ни поразительно. Это что, «академический подход»? Нет, это нахрапистая безграмотность.

«Скорость мутирования» в изложении Балановского

Показательно, что Балановский тоже не имеет понятия в этом вопросе, хотя я это объяснял на протяжении последних лет. Но Балановский не читатель, он писатель. Он начинает раздел своей «дискуссии» со слов *«для определения скорости мутирования…*

возможны два подхода: прямой подсчет и калибровка». Это – поразительная неосведомленность в элементарных вещах. Не будем повторять, что нет «скорости мутирования», есть константа скорости мутирования, потому что «скорость мутирования» без нормирования на что-то определенное и превращения таким образом в стандартный, научный показатель, никого не интересует. Опять, Балановский путается в простых понятиях потому, что не приводит конкретные примеры, а конкретные примеры он не приводит потому, что путается в элементарных понятиях. Круг замыкается.

Приведем несколько примеров расчетов, опять во врезке, чтобы не загружать неспециалистов деталями. Вывод первый – константа скорости мутации (для определенного маркера или определенного гаплотипа) на то и константа, что она верна для гаплотипов различных гаплогрупп. Вывод второй – Балановский не разбирается в том, что берется «рассматривать».

Приведем несколько примеров расчетов, опять во врезке, чтобы не загружать неспециалистов деталями.

Пример 1 – в 100 гаплотипах в 25-маркерном формате за тысячу лет произошло 184 мутации. Где здесь «скорость мутирования»? 184 мутации за тысячу лет? Кого это интересует, если не проведено нормирование на сто гаплотипов, причем в 25-маркерном формате? А если оно проведено, то получаем 184/100/k = 1000 лет, то есть 40 условных поколений (по 25 лет). Здесь k – это **константа скорости мутации** в расчете на 25-маркерный гаплотип. Если рассчитывать ее на поколение, получаем, что k = 0.046 мутаций на 25-маркерный гаплотип на условное поколение. Это – именно **константа** скорости мутации, потому что она равна 0.046 при любом числе гаплотипов в серии и при любом числе мутаций в гаплотипах. Более того, та же константа скорости мутации определяет число базовых гаплотипов в выборке, для чего не надо и считать число мутаций, для этого есть тот самый логарифмический метод, который мы рассмотрели выше, и в чем Балановский тоже не разбирается.

Пример 2 – в серии из 661 гаплотипов гаплогруппы J1 в первых 25 маркерах имеется 3708 мутаций от базового гаплотипа, что дает «возраст» общего предка серии 3708/661/0.046 = 122 → 137 условных поколений, или 3425±350 лет (надо сразу сказать, что там совокупность разных ветвей, поэтому «общий предок» фантомный, как показывает логарифмический метод. Если отделить молодые ветви, то общий предок более старых ветвей жил 4000±450 лет назад, что, впрочем, в пределах погрешности с расчетом выше). Расчет по 111-маркерным гаплотипам дал 3245±330 лет, по 67-маркерным гаплотипам 3355±340 лет. Как видно, различия между этими тремя величинами попарно составляют от 2 % до 6 %, так что указанная погрешность явно завышена. Вот что такое константа скорости мутации, в данном случае 0.046 для 25-маркерных гаплотипов, 0.12 для 67-маркерных гаплотипов, 0.198 для 111-маркерных гаплотипов, во всех случаях ее размерность выражена в числе мутаций на гаплотип за условное поколение в 25 лет.

Пример 3 – в серии из 968 гаплотипов гаплогруппы I1 в первых 25 маркерах имеется 5656 мутаций от базового гаплотипа, что дает «возраст» общего предка серии 5656/968/0.046 = 127 → 144 условных поколения, или 3600±360 лет. Расчет по 111-маркерным гаплотипам дал 3690±370 лет, по 67-маркерным гаплотипам 3620±360 лет. Различия между этими тремя величинами попарно составляют от 0.5 до 2.5 %. Опять, вот что такое константа скорости мутации.

Пример 4 – в серии из 164 гаплотипов гаплогруппы T в первых 25 маркерах имеется 1748 мутаций от базового гаплотипа, что дает «возраст» общего предка серии 1748/164/0.046 = 232 → 293 условных поколения, или 7325±750 лет. Расчет по 111-маркерным гаплотипам дал 7200±725 лет, по 67-маркерным гаплотипам 7340±740 лет. Различия между этими тремя величинами попарно составляют от 0.2 % до 1.7 %. Опять, вот что такое константа скорости мутации. А «скорость мутации», о чем пишет Балановский, не понимая, что пишет – это 3708 мутаций в первом случае, или 5656 мутаций во втором, или 1748 мутаций в третьем, но

перевода в константы скорости мутации это ни о чем не говорит.

Итог – тяжелый случай с Балановским, и он еще книги садится писать по вопросу, в котором не разбирается.

Отступление про «генотип» и «генофонд»

По Балановскому, *«прямой подсчет состоит в сравнении генотипов родителей и их потомства».* Уже неряшливо, а по сути – неверно. Кстати, Балановский так и не написал, «прямой подсчет» – чего? Ну да ладно, косноязычность – это его визитная карточка. Здесь дело хуже. Генотип – это совокупность генов данного организма, а Балановский говорит о «STR-маркерах Y-хромосомы». Это та же неряшливость, с которой Балановские постоянно говорят про «генофонд», адресуясь к мутациям в нерекомбинантных участках Y-хромосомы.

Эти термины «генотип», «генофонд» в исполнении Балановских – или вопиющая безграмотность, или совершенно расхлябанный жаргон. Они, Балановские, повсюду используют термин «генофонд», относя его к гаплогруппам, субкладам и гаплотипам. Они не понимают, или не знают, или пренебрегают точностью понятий, что генофонд – это совокупность генов. Даже Википедия это знает, цитирую – *«Генофонд (также генный пул, пул генов – англ. «genepool»)».* Понятие генофонда сформулировал еще в 1928 году А.С. Серебровский, цитирую – *«Совокупность всех генов данного вида… я назвал генофондом».* Нет в гаплотипах и гаплогруппах генов, никакой это не генофонд.

Балановские же от статьи к статье, от высказывания к высказыванию называют снипы (!) «генофондом». Очередной пример, из десятков и сотен, в недавней статье в сборнике «Археология, этнография и антропология Евразии» (Том 43, № 2, 2015), статья называется (привожу только часть названия) «Структура генофонда по данным маркеров Y-хромосомы». В авторах – Е. Балановская. И дальше, первая фраза Абстракта *«Изучен генофонд популяции по SNP-маркерам Y-хромосомы».* Категорически неверно. Я уже не говорю, что здесь безграмотность еще и в другом – не пишут в Абстракте «изучено то-то», пишут, что именно обнаружили, нашли, какие выводы сделали. Не пишут в Абстракте «мы собирали грибы», пишут «мы нашли 8 кг грибов», если уж объяснять на пальцах. Но Балановская и эти элементарные вещи не знает, научная школа напрочь отсутствует.

Они, конечно, сейчас начнут воздевать руки, причитать, что наука движется вперед, и А.С. Серебровский им не указ, уже и не гены в попгенетике называют генами – я с ними спорить на этот счет не собираюсь по простой причине – попгенетика себя уже настолько дискредитировала, что этот «генофонд» в применении к снипам всего лишь яркая заплата на ветхом рубище попгенетики, так сказать. Но яркая, показательная.

И еще про «скорость мутирования» по Балановскому

Возвращаемся по сути к некорректной фразе Балановского – *«для определения скорости мутирования… возможны два подхода: прямой подсчет и калибровка».* На самом деле это неверно – нет «прямого подсчета» без калибровки. «Прямой подсчет» – это, видимо, подсчет числа мутаций в парах отец-сын, хотя и этого Балановский не говорит, не умееет прямо излагать. По Балановскому, *«хотя мутации случаются редко, но при больших выборках можно обнаружить достаточное их количество».* Поскольку примеров он никогда не дает, изъясняется косноязычно, вязко, мутно, то не поясняет, что такое «при больших выборках» и что такое «достаточное количество». А это – ключевые понятия, в которых Балановский понятия не имеет, извините за каламбур.

Придется опять привести конкретные примеры, раз он не может, не владеет материалом. То, к чему призывает Балановский, было описано в статье[270], в которой на

[270] Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H.,

1300–1800 парах отец-сын (такой разброс – потому что для каждого маркера число пар отец-сын различалось) определяли, сколько в каждом маркере произошло мутаций между отцом и сыном, то есть буквально за одно поколение. Авторы ставили своей задачей определить число мутаций за поколение для всех 111 маркеров, которые составляют общую панель маркеров. Но сразу же возникла проблема, о которой Балановский не упоминает ни слова, но мы уже привыкли к его уклончивому и вязкому стилю. Из 111 маркеров в итоге не изучались 24 маркера, в 17 маркерах мутаций вообще не было, в 15 маркерах прошла всего одна мутация – то есть 56 маркеров из 111 оказались совершенно непригодными для количественного определения скоростей мутаций. А поскольку еще в 11 маркерах прошли всего две мутации, то почти две трети всех маркеров были непригодны для определения констант скоростей мутаций. Даже при одной сигма (доверительный интервал плюс-минус 68 %) погрешность в определении констант скоростей мутаций составляет ±100 % при одной мутации, и ±71 % при двух мутациях. А попгенетики их используют, в том числе и те маркеры, в которых мутаций вообще не было, при этом умудряясь рассчитать «скорости мутаций» для тех маркеров! В результате, разумеется, опять мусор в академических публикациях.

Пример такой работы – исследование 2013 года (Forensic Science International: Genetics. 7, 568–572), в авторах которого Chris Tyler-Smith, один из ведущих популяционных генетиков мира, и журнал один из ведущих. Я немедленно написал критическую статью в тот же журнал, и началась типичная для попгенетиков ситуация. Полгода ответа от журнала вообще не было. Я написал напоминание. После этого пришла одна рецензия, совершенно уклончивая, суть которой состояла в том, что несправедливо критиковать исследование, в котором используются мутации, определенные по парам отец-сын, поскольку многие их применяют. Поэтому моя статья быть принята не может. Я написал ответ, выразив возмущение сроками рецензии – более полугода, а также тем, что рецензент всего один, и само замечание неквалифицированное.

Через месяц пришла еще одна рецензия, в которой опять предлагалось снять критику за использование «скоростей мутаций» по парам отец-сын, снять таблицу, в которой показано, что значительная часть маркеров, используемых в работе Tyler-Smith, основывается всего на нескольких мутациях в парах отец сын. Так, по данным Ballantyne[271], в маркере DYS448 мутаций вообще не было (в 1747 парах отец-сын), в DYS438 прошла всего одна мутация (в 1751 паре), маркере DYS643 две мутации (в 1773 паре), и так в шести маркерах из 21, используемых в работе, более четверти. Помимо того, в работе использовались печально известные «популяционные скорости Животовского», которые вообще завышали датировки в три раза. Я ответил, что ничего снимать не буду. После этого получил письмо уже от главного редактора с приложением еще одной рецензии. Суть ее была в том, что несправедливо критиковать именно эту статью, и особенно несправедливо по отношению к Tyler-Smith, поскольку то, о чем я пишу, характерно по отношению буквально ко всем статьям популяционных генетиков, и почему начинать именно с Tyler-Smith? Поэтому мне предлагалось вообще снять всю критику данной статьи, и написать общую статью по мутациям в гаплотипах. Я отказался, написав, что сначала пусть они публикуют эту критическую статью, а потом обсудим более общую статью. После этого в течение года редактор мне периодически напоминал, что они ждут общую статью, но о критической

Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

271 Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

статье не упоминал. Но я уже не отвечал. Такое отношение к авторам мне не подходит. И после этого попгенетики еще мне высказывают претензии, что я не публикуюсь в журналах по популяционной генетике. Нет уж, меня ангажированные издания не устраивают.

Резюмирую то, чего не понял Балановский. «Прямой подсчет» числа мутаций по парам отец-сын не подходит по ряду причин. Одна из них продемонстрирована выше – в объемной работе Ballantyne и др (2010)[272] из 111 маркеров данных не было получено для 24 маркеров, а для 56 данные совершенно ненадежны. Какая константа скорости для маркера, когда за поколение в маркере прошла всего одна мутация? Как константу будем рассчитывать? А если прошло всего 2–3 мутации, как константу рассчитывать будем? При погрешности в 70»-100 %? Пробовали бросить монету три раза, и по результатам рассчитать вероятность выпадения орла или решки?

А попгенетики так и не поняли, что эти данные по парам отец-сын для расчетов вообще непригодны. Возьмем, например, опять те же данные Ballantyne[273], потому что они самые массовые в одном эксперименте. В маркере DYS393, весьма «медленном», у 1750 пар отец-сын прошли три мутации, а в маркере DYS390, намного более «быстром», у 1758 пар прошли две (!) мутации, то есть маркер оказался как бы более медленный, что есть нонсенс. Любой, кто работает с гаплотипами, знает, что в DYS390 проходит больше мутаций, чем в DYS393. Вот пример – среди 3466 гаплотипов субклада R1b-L21 в маркере DYS393 от общего предка прошло 232 мутации, а в маркере DYS390 – 1164 мутации, в пять раз больше. А по парам отец-сын у Ballantyne – наоборот, 3 и 2 мутации, соответственно. Можно на основании расчетов по таким данным на что-то надеяться? Нет, конечно, и понятно, почему – статистика не та. Мало для расчетов 1700 пар отец-сын, очень мало. А Балановский, не имея понятия, пишет – «при больших выборках», «достаточное количество». Так какие выборки нужны? Какое количество достаточно, о чем Балановский, конечно, не знает? Уровень не тот.

Отвечу. Если даже взять 100 тысяч пар отец-сын, то те маркеры, у которых константа скорости мутации меньше чем 0.0001 мутаций на маркер на поколение, все равно покажут плохую статистику, у них в среднем будет наблюдаться меньше, чем 10 мутаций на поколение для всех этих 100 тысяч пар. То есть погрешность определения константы скорости мутации для них в лучшем случае в среднем будет ±32 %. Но это только для тех, у которых константа скорости 0.0001. А таких, с константами 0.0001 и меньше, в 111-маркерной панели девять маркеров, из них пять – в 67-маркерной панели (показана константа скорости на маркер за условное поколение в 25 лет):

DYS472 0.000008
DYS436 0.000040
DYS425 0.000042
DYS568 0.000050
DYS490 0.000070
DYS426 0.000090
DYS455 0.000100
DYS632 0.000100
DYS494 0.000100

Кстати, для всех этих девяти маркеров в серии из 1500–1800 пар отец-сын (Ballantyne, 2010) не наблюдалось ни одной мутации. То есть их данные опять неприменимы для расчетов.

---

272 Там же

273 Там же

А для DYS472 и 100 тысяч пар-отец-сын недостаточно и для наблюдения хотя бы одной мутации. Там маркер мутирует в среднем раз в 125 тысяч поколений, то есть раз на 125 тысяч пар отец-сын. В общем, меньше чем полумиллионом пар не обойтись, лучше – миллион пар отец-сын. Это, конечно, практически нереально.

Но и там без калибровки не обойтись, несмотря на неквалифицированное заявление Балановского – «прямой подсчет и калибровка». Как мы видим, в ряде случаев в парах отец-сын наблюдаются ошибки, как показано выше. Или надо без всякой проверки их в дело пускать? Нет, придется все равно калибровать по известным генеалогиям или историческим событиям. И еще проблема, которую Балановский опять затронул, как всегда, уклончиво, нечетко, мутно. В парах отец-сын константы получаются в расчете на поколение. А в исторических науках на поколение не считают, нужно пересчитывать в года. А как? Популяционные генетики эту проблему так и не решили, см. следующий раздел. Так что в этом отношении пары отец-сын практически бесполезны. Польза, конечно, есть, но не для расчетов. Польза «концептуальная», просто посмотреть, какой порядок скоростей мутаций, и убедиться, что он «разумный». Вот, пожалуй, и вся польза. Но попгенетики до этого не додумываются.

Балановский пишет, что *«таких исследований было проведено немало… результаты всех этих работ совпали, что является важнейшим подтверждением корректности этой оценки частоты мутаций».* Ничего подобного, везде наблюдается разнобой. Балановского всегда приходится ловить за руку. Выше уже показано, какая там «корректность». Хорошо, сравним данные тех же Ballantyne и др. (2010)[274] и большой, сводный список (по разным авторам) Burgarella и др. (2010), взяв для примера первые несколько маркеров из первой панели. Опять, чтобы не загромождать читателя информацией, полезной больше для специалистов, вынесем это во врезку на странице. Кого детали не интересуют, можно пропустить, не читая. Для них просто сообщу, что «частоты мутаций» у разных авторов по парам отец-сын различаются в два раза и более, и для расчетов они неприменимы. Никаких «совпали» и «корректности» там нет и близко. Балановский опять вводит в заблуждение, или попросту лжет.

DYS393, у Ballantyne 3 мутации на 1750 пар отец-сын, что в дальнейшем будем обозначать как 3/1750, у Burgarella 13/12576, то есть во втором случае 1.8/1750 мутаций вместо 3, в той же пропорции на 1750 пар, разница 167 %.

DYS390, 2/1758 и 30/14131, соответственно, то есть во втором случае 3.7/1758 мутаций вместо 2, в той же пропорции, разница 185 %.

DYS19, 7/1756 и 32/14632, соответственно, то есть во втором случае 3.8 мутаций вместо 7, в той же пропорции, разница 182 %.

DYS391, константы скоростей мутаций оценены в диапазоне 0.00126-0.00665 (Ballantyne) и 0.00198-0.00372 (Burgarella). Формально диапазоны перекрываются, но вести расчеты с таким широким диапазоном неопределенности невозможно. По нашим независимым данным (Вестник Академии ДНК-генеалогии, № 3, 2015) величина константы скорости мутации для DYS391 равна 0.00220 мутаций на маркер на 25 лет.

DYS385a,b – данных у Burgarella нет, у Ballantyne дается диапазон 0.000624-0.00506 для DYS385a, то есть 8-кратный диапазон неопределенности, и 0.00175-0.00809 для DYS385b, то есть диапазон неопределенности в 4.6 раз. По нашим независимым данным (ссылка выше) величина константы скорости мутации для DYS385a и DYS385b равна 0.00280 и 0.00360 мутаций на маркер на 25 лет, соответственно.

DYS426 – у Burgarella данных нет, у Ballantyne ноль мутаций на 1735 пар отец-сын.

---

274 Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. Am. J. Human Genet. 7, 341–353.

Тем не менее, каким-то загадочным приемом последние оценили величину константы (при полном отсутствии мутаций) в 0.000398 мутаций на маркер на поколение (обратите внимание на точность оценки при отсутствии мутаций!). По нашим независимым данным (ссылка выше) величина константы скорости мутации для DYS426 равна 0.00009 мутаций на маркер на 25 лет, соответственно. Иначе говоря, Ballantyne в своей оценке промахнулись на 440 %.

DYS388, 0/1635 и 1/2394 мутаций, соответственно, но и в такой ситуации (то есть при практическом отсутствии мутаций) Ballantyne и Burgarella оценили величины констант скоростей мутаций как 0.000425 и 0.0004177 на поколение, соответственно (опять обратите внимание на точность оценки!). Никаких оснований для таких оценок просто нет. По нашим независимым данным (ссылка выше) величина константы скорости мутации для DYS388 равна 0.00022 мутаций на маркер на 25 лет. Иначе говоря, Ballantyne и Burgarella в своих оценках промахнулись в два раза.

DYS439, 6/1736 и 51/9313 мутаций, соответственно, то есть во втором случае 9.5 мутаций вместо 6, в той же пропорции, разница 158 %.

DYS389-1, 9/1751 и 32/12651 мутаций, соответственно, то есть во втором случае 4.4 мутаций вместо 9, в той же пропорции, разница 205 %.

DYS392, константы скоростей мутаций 0.00097 и 0.0004303, соответственно, то есть разница 225 %.

Теперь посмотрим на результаты по парам отец-сын в исследованиях Gusmao (2005) и Sanchez-Diaz (2008), на которые ссылался Балановский в своей «дискуссии». В первом исследовании изучали 3026 пар отец-сын по 17 маркерам, то есть должны были бы определить мутации в 3026 × 17 = 51442 маркерах-переходах от отца к сыну. На самом деле данные представлены всего для 27029 маркеров-переходов, то есть почти половину маркеров не изучали. В итоге сообщили, что константа скорости мутации в среднем на маркер находится в диапазоне доверительности между 0.001501 и 0.002606 за поколение (неизвестной продолжительности), то есть простирающимся на 174 %. Ну и как, кому нужны расчеты с такой неопределенностью? К тому же в расчете на поколение неизвестной продолжительности. Кстати, по нашим независимым данным (ссылка выше) средняя величина константы скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов (Y-filer) равна 0.00215 мутаций на маркер за 25 лет.

Смотрим на второе исследование, в котором изучали 701 пару отец-сын, и нашли в 17-маркерных гаплотипах суммарно 26 мутаций. Уже ясно, какая там статистика. Да, так и есть. В Абстракт авторы вынесли, что для DYS438 константа скорости мутации равна 0.000425 на поколение (опять неизвестной продолжительности), а в работе Ballantyne для 1751 пар отец-сын та же константа скорости мутации равна 0.000956 на поколение. Разница – 225 %. Ну ладно, этот маркер «медленный», хотя в 17-маркерную панель Y-Filer он входит. Но посмотрим на самый быстрый маркер этой панели, DYS458. На 701 паре отец-сын константа равна 0.00636, у Ballantyne на 1756 пар константа равна 0.00838, разница на 31 %. И это – самая благоприятная статистика, *«быстрыймаркер»*. Как там у Балановского – *«результаты совпали* »? *«Важнейшее подтверждение корректности* »? Он на данные в статьях смотрел или нет?

Пожалуй, достаточно. Вывод – «частоты мутаций» по парам отец-сын практически невоспроизводимы, никаких расчетов с ними делать нельзя.

Любой, хоть немного понимающий в числах, оценит лживость заявления Балановского, что *«результаты всех этих работ совпали, что является важнейшим подтверждением корректности этой оценки частоты мутаций».* На самом деле ситуация ясна – Балановский на результаты и не смотрел, он из тех, кому результаты и не нужны. Он – политработник, так сказать. Если проще – работающий по некому уставу, где мысли и не нужны. Есть внутренние установки, которые надо выполнять. Нет ничего, более далекого от науки. Балановский не ученый, он техник-лаборант некоего негативного идеологического

фронта. Поэтому научные дискуссии с ним бесполезны.

Сюда же относятся его абсолютно ненаучные рассуждения о якобы «калибровке», проведенной Л. Животовским (2004) в отношении «популяционных скоростей». Опять Балановский заводит пластинку о якобы «калибровке» по гаплотипам маори и цыган, которую якобы проводил Животовский. Эта «калибровка» детально рассмотрена мной в ряде журнальных публикаций, и в книге «Происхождение славян», глава 16. Не было там никакой «калибровки». Была откровенная подгонка данных с серийным выбрасыванием неугодных гаплотипов, причем подгонка шла в несколько кругов, и в итоге все равно подогнать не удавалось, и нужное число просто декларировалось. Либо Балановский этого не читал, либо просто лжет. Я не знаю, что хуже.

И после этого Балановский «на голубом глазу» объявляет, что *«к сожалению, других работ по калибровке скорости мутирования Y-STR маркеров не было проведено».* Здравствуйте, приехали. А как же статья в «Advances in Anthropology» (2011)[275] с калибровками по тысячам гаплотипов из разных гаплогрупп? А как насчет калибровки еще в 2008 году по гаплотипам МакДоналдов, опубликованной в Вестнике Академии ДНК-генеалогии? В ДНК-генеалогии еще с 2008 года используются откалиброванные значения констант скоростей мутаций гаплотипов разных форматов, описанные в книгах «Происхождение человека» (2010), «Происхождение славян» (2013), «Занимательная ДНК-генеалогия» (2013), «Арийские народы на просторах Евразии» (2015), «Славяне, кавказцы, евреи с точки зрения ДНК-генеалогии» (2015), «Евреи и пуштуны Афганистана» (2015), «Экспертиза Велесовой книги» (том третий, 2015). Как это Балановский все пропустил? Ах, да, Балановский – не читатель, Балановский – писатель…

«Калибровка» по Балановскому

О калибровке констант скоростей мутаций Балановский тоже не имеет понятия. Взгляните на то, что он пишет: *«Калибровка состоит в определении разнообразия гаплотипов, накопленного популяцией за время ее существования».* Никакого отношения к калибровке *«определение разнообразия»* не имеет. Что такое *«разнообразие гаплотипов»* он тоже не поясняет. Поскольку он косноязычен и невразумителен, приходится за него догадываться, что он имеет в виду. Разнообразие – это, наверное, число мутаций в серии гаплотипов. Но как ни догадывайся, к калибровке никакое «*разнообразие* » не имеет отношения. Более того, выражение *«накопленного популяцией за время ее существования* » – это что, как ни косноязычность и невразумительность? Что, всей популяцией? Сотнями тысяч и миллионами человек? Это – наглядный пример, что Балановский не имеет никакого опыта работы с гаплотипами и мутациями. Не популяцией накопленного *«за время ее существования»,* это вообще нонсенс, а речь должна идти о выборке.

Но не только это косноязычие делает тексты Балановского нонсенсом. У него процитированная фраза еще более бессмысленна. Вот простой пример – имеем два набора по три 17-маркерных гаплотипа, один набор «разнообразнее», другой «менее разнообразен», или, точнее, вообще не разнообразен:

13 24 14 10 11 14 12 12 13 28 17 15 19 12 16 12 23
13 23 14 11 11 15 13 13 13 29 18 16 19 12 15 12 25
13 23 14 13 11 14 12 14 13 30 17 15 19 13 16 12 23

13 24 14 11 11 14 12 13 13 30 17 15 19 12 16 12 23
13 24 14 11 11 14 12 13 13 30 17 15 19 12 16 12 23
13 24 14 11 11 14 12 13 13 30 17 15 19 12 16 12 23

275 Rozhanskii, I.L., Klyosov, A.A. (2011) Mutation rate constants in DNA genealogy (Y chromosome). Advances in Anthropology, 1, No. 2, 26–34.

Это, кстати, гаплотипы басков. Первая серия – три реальных гаплотипа, вторая – три базовых гаплотипа басков. Ну, определили «разнообразие» гаплотипов. Выразили их в числе мутаций. Дальше что? Где калибровка? Откуда она следует? Повторю опять безграмотную цитату из Балановского – *«Калибровка состоит в определении разнообразия гаплотипов, накопленного популяцией за время ее существования».* С таким определением попгенетика и стала паранаукой.

На самом деле у этого «определения» Балановского отсутствует ключевое положение – калибровка это не «определение разнообразия», это выражение выявленного «разнообразия», как правило, в числе мутаций от базового маркера или базового гаплотипа, в количестве лет до общего предка, которое находится независимо.

После проведения большой работы были определены константы скорости мутации для каждого из 111 маркеров, используемых в ДНК-генеалогии[276]. Значения этих констант были выверены по многим документальным генеалогиям и другим независимым временным показателям, и, в частности, показано, что кумулятивная константа скорости для 17-маркерных гаплотипов (содержащих пару маркеров DYS385) равна 0.0365 мутаций на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Вот что такое калибровка, а не «определение разнообразия». «Определения разнообразия» без введения временной компоненты ничего не стоит, ничего из него не получить.

Так вот, три верхних гаплотипа содержат 15 мутаций от базового гаплотипа. Статистика неважная, но для демонстрационных целей подходит. Получаем 15/3/0.0365 = 137 → 160 условных поколений, то есть примерно 4000 лет до общего предка этой выборки из трех гаплотипов басков. Для справки – 272 гаплотипа басков в 17-маркерном формате показывают 1478 мутаций от базового гаплотипа, что дает 1478/272/0.0365 = 149 → 177 условных поколений, или 4425±460 лет до общего предка. Но чтобы это получить, надо было получить откалиброванную константу скорости мутаций для 17-маркерных гаплотипов, а не определить «разнообразие». Итог – опять Балановский не понимает, что пишет.

Балановский, конечно, скажет, что после цитированной выше фразы у него стоит *«для этого нужно изучить популяцию, для которой известно время ее основания».* Но эта фраза тоже практически бессмысленна, потому что в попгенетике такие популяции не изучают, наоборот, «время основания» принимают совершенно безосновательно. Так поступал Л. Животовский (2004), который принял, что маори (полинезийцы) прибыли на острова 800 лет назад, и заложил это число в «калибровку». Но так делать категорически нельзя. Попгенетики, и Балановский с Животовским с ними, не понимают простого положения, что прибыть маори могли 800 лет назад, но это вовсе не означает, что это есть начало их ДНК-генеалогической линии. Если они прибыли группой, то «принесли» общего предка популяции с собой. Иначе в США гаплотипы группы R1b все имели бы общего предка в 1620 году. Далее, маори могли прибыть на острова Кука и Самоа 800 лет назад, но пройти бутылочное горлышко популяции, и общий предок их мог жить намного позже. Как можно закладывать в этой ситуации 800 лет назад как начало ДНК-генеалогической линии? Вот этот примитивизм мышления и интерпретации данных в попгенетике уже не удивляет. Паранаука.

«Калибровка по Животовскому»

Потому-то у Животовского и получилась ерунда при такой «калибровке». Расскажем как курьез, как у Животовского эта «калибровка» проходила. Были взяты 22 гаплотипа маори и 23 гаплотипа с островов Кука, в виде серии 10-маркерных гаплотипов у маори, 10 и 7-маркерные гаплотипов у островитян Кука, и 10-маркерных гаплотипов у четырех самоанцев,

---

276 Клёсов, А.А., Килин, В.В. (2015) Калькулятор Килина-Клёсова для расчета времен до общих предков (TMRCA): новое издание. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 8, № 3, стр. 321–375.

и постулировано, что полинезийцы прибыли на острова 32 поколения назад, при 25 годах на поколение, то есть 800 лет назад. Применяя квадратичный метод, авторы показали, что среднее число мутаций на маркер у маори и островитян Кука равно 0.00998, при этом самоанцев в расчет не включали, а маори и островитян считали по 7-маркерным гаплотипам. По 10-маркерным расчета (у маори, или маори и самоанцев вместе) не было, видимо, что-то не стыковалось. На основании этого авторы посчитали, что «скорость мутации» равна 0.00998/32 = 0.000312 на маркер на поколение. А надо было получить 0.00069 на маркер на поколение, просто задача была такая, это было «математически предсказано», заметим, что при совершенно искусственных условиях. Но 0.000312 – это вовсе не 0.00069, а в два раза медленнее. Далее авторы заключили, что это скорее всего недооценка, и опять пустились в долгие и вязкие рассуждения, почему это может быть недооценкой. Потом решили ввести «веса» в исходные серии гаплотипов, что привело авторов к «корректировке» средней скорости мутаций в серии полинезийцев от 0.000312 до 0.000705 (!), то есть более чем в два раза. Более того, с учетом погрешности таких поправок величина средней скорости мутации стала равна 0.000705±0.000332, со стандартным отклонением по маркерам 0.00078, то есть выше, чем сама скорость мутации. На этом «калибровка» этой серии гаплотипов была завершена, и принято, что «скорость мутации» равна 0.00069, что и требовалось доказать. Это и есть «калибровка» у попгенетиков.

Подобный же постулат был принят и при «калибровке» с гаплотипами цыган Болгарии. Животовский с соавторами сообщили, что цыгане были замечены в Болгарии 700 лет назад, то есть 28 поколений назад, и это тоже было принято в качестве основы для калибровки. Как так можно? Но для попгенетиков все можно. Они сообщили, что анализировали 179 гаплотипов из 12 цыганских таборов в Болгарии. И вот как проходила «калибровка». Сначала сообщили, что один гаплотип (единственный из табора Даракчи) был исключен, потому что оказался нечетным (? – AAK), затем усреднили число мутаций по всем 8-маркерным гаплотипам, получили 0.01272 мутаций на маркер, разделили на постулированные 28 поколений, и получили 0.000454 как среднюю скорость мутаций на маркер. Заметим, что это опять заметно ниже, чем якобы «калиброванная» 0.00069. Авторы опять стали обсуждать, что это должна быть «недооценка». Далее опять внесли «коррективы», а именно «веса» в исходные серии гаплотипов и сняли ряд гаплотипов цыган. Так, авторы решили, что один табор – «Музыканты» – очень «гетерогенный», потому что их гаплотипы отличаются на две аллели в шести гаплотипах из 19 от наиболее распространенного гаплотипа. Все 19 гаплотипов «Музыкантов» сняли со счета и опять ввели «веса» по размеру популяции (что совершенно нельзя делать в случае вполне однородной серии гаплотипов, какой серия гаплотипов цыган и была, никакой «генерогенности» там не было, «Музыкантов» нельзя было снимать, дерево гаплотипов и с ними было симметричным, но авторы деревьев не строили). Получили среднюю скорость мутации 0.000725±0.000187, и опять решили, что это и есть искомые 0.00069. Если это «калибровка», тогда непонятно, что такое не калибровка. На самом деле это откровенная подгонка.

И сейчас Балановский опять твердит о том же подходе, про *«популяцию, для которой известно время ее основания»,* и – цитирую – *«скорость мутирования STR-маркеров Y-хромосомы была определена в работе (Животовский, 2004) на двух примерах… популяции маори… в результате миграции полинезийцев не позднее 800 лет назад, и популяции цыган Болгарии… около 900-1000 лет назад».* Но мы уже видели, что там была за калибровка. При этом Балановский пишет – «к *сожалению, других работ по калибровке скорости мутирования Y-STR маркеров не было проведено, поэтому отсутствуют независимые подтверждения (как, впрочем, и опровержения) этой скорости»* (то есть «скорости Животовского). То есть Балановский делает вид, что не знает о серии работ по калибровкам констант скоростей мутаций в ДНК-генеалогии за последние 8 лет, и о существовании главы 16 в книге «Происхождение славян» (Москва, 2013), в которой все эти «калибровки» Животовского на многих страницах были детально разобраны и отвергнуты, данные по

маори и цыганам пересчитаны, и показано, что никакой «скорости Животовского», она же «популяционная скорость», не существует. А Балановский без стеснения к ней опять возвращается. Разумеется, ни слова про огромный ущерб от этой «популяционной скорости», который фактически погубил популяционную генетику как науку, у Балановского нет. Как нет ни слова и про ошибочные статьи самих Балановских, которые активно использовали этот неверный «метод Животовского». И понятно, почему – как только он в этом сознается, встанет вопрос про отзыв многих статей Балановских и их последователей.

«Длина поколения» по Балановскому

Нет, Балановский определенно необучаем. Последние 8 лет я объясняю, что продолжительность поколения автоматически входит в константу скорости мутации, потому что при делении числа мутаций на число гаплотипов в серии автоматически получается произведение kt, где k – константа скорости мутации, t – время, прошедшее от общего предка рассматриваемой серии гаплотипов (при условии, конечно, что предок был один, и это позволяет установить логарифмический метод в паре с линейным). Как я уже пояснял, время удобнее выражать в условном числе поколений, потому что в годах величина k будет иметь много нулей, что создает практические неудобства. Видно, что какую продолжительность поколения ни брать, константа скорости мутации сама подстроится, при известной величине kt, которая и определяется калибровкой. Если взять продолжительность поколения в 25 лет (потому она и «условная», потому что принимается как математическая величина, вместо «плавающей» абсолютной величины поколения в годах, которая зависит от культурных, религиозных, бытовых факторов, войн, эпидемий и проч., и бессмысленно ее пытаться определять в науке; ее постулируют правительственные и неправительственные огранизации, такие, как ООН, ЮНЕСКО и прочие, для целей скорее организационных). Величины кумулятивных констант скоростей мутаций, приведенные выше, как 0.02 мутаций на условное поколение (25 лет) для 12-маркерных гаплотипов, 0.0365 для 17-маркерных, 0.046 для 25-маркерных, 0.09 для 37-маркерных, 0.12 для 67-маркерных, 0.198 для 111-маркерных – они все откалиброваны для 25 лет на условное поколение. Если по какой-либо загадочной причине взять другую продолжительность поколения, то константы скорости перестроятся, адаптируются, и конечный результат получится точно таким же.

Приведу пример. Для 67-маркерных гаплотипов средняя константа скорости мутаций равна 0.12 на гаплотип на условное поколение в 25 лет. Поэтому при 120 мутаций на 50 гаплотипов общий предок этих 50 гаплотипов жил 120/50/0.12 = 20 условных поколений назад, то есть 20x25 = 500 лет назад. Если кому-то не нравится величина 25 лет на условное поколение (правда, причины такой нелюбви к 25 годам на поколение будут загадочными), и этот некто захочет использовать 30 лет на поколение, то нет проблем, просто константу скорости мутации придется пропорционально пересчитать, и она получится 0.12x30/25 = 0.144 мутаций на поколение в 30 лет. Тогда для 120 мутаций имеем 120/50/0.144 = 16.666 поколений по 30 лет, или те же 500 лет до общего предка. От чего ушли, к тому же и пришли.

А что пишет Балановский, несмотря на мои многолетние разъяснения? Ах, да, он же не читатель, он писатель. К тому же писатель необучаемый. Он пишет – *«В данном исследовании во всех методах нам пришлось пользоваться двумя разными величинами длины поколения для двух мутационных скоростей. При использовании эволюционной скорости мутирования, длина поколения принималась равной 25 лет… (Животовский, 2004). При использовании генеалогической скорости мутирования, длина поколения принималась равной 30 годам…».* Мало того, что он продолжает держаться за «эволюционную скорость» Животовского, что никакого смысла не имеет, он продолжает не понимать, что 30 лет на поколение по определению должно входить в «генеалогическую скорость», а для Балановского «генеалогическая скорость» – нечто застывшее, одинаковое для всех маркеров.

Опять приходится повторить, что он так и не понял, что в гаплотипы разных форматов входят свои комбинации маркеров, и у каждого своя константа скорости мутаций, а значит, нет некой одной «генеалогической скорости», они все разные. Но у попгенетики свои представления, от науки далекие. И культивируют их, в частности, Балановские.

«Датировки по полным сиквенсам Y-хромосомы» по Балановскому

В своей «дискуссии» Балановский затронул и датировки по снипам. Надо сказать, что отпечаток примитивизма и непонимания сути вопроса в полной мере присущ и этой части статьи. Это становится ясным уже в самом начале изложения, когда Балановский пишет – *«Метод расчета возраста гаплогрупп по полногеномным данным столь прозрачен, что обычно даже не обсуждается».* Не обсуждается только среди таких же примитивов. На самом деле, в этом методе масса неясностей, подводных камней, недоговоренностей, технических проблем. Без сомнения, метод датировки по снипам – крупный шаг вперед, но он еще не готов для надежного применения. Балановский в силу своей ограниченности видит только один аспект этого метода – выявление средней скорости мутаций на нуклеотид в год, которая в последний год-два постепенно сходится к величине 0.8 × 10-9 на нуклеотид в год, как цитирует Балановский. И Балановский в силу той самой ограниченности, присущей типичному технику-лаборанту, считает, что дело сделано, метод создан. Ничего подобного, это только начало.

А дальше – две огромных неясности: сколько именно снип-мутаций ведет к тому узлу (нужному снипу), датировку которого нужно определить, и сколько лет приходится на снип-мутацию в каждом конкретном случае. С этим связана еще одна неясность – какой средний размер Y-хромосомы анализируется, и какое там распределение по размерам фрагментов. Последний фактор по сути углубляет и первую, и вторую неясность. А средняя скорость мутаций, 0.8 × 10-9 на нуклеотид в год, которую Балановский только и рассматривает, оказывается самым маловажным параметром, поскольку число нуклеотидов очень часто остается неопределенным – ну, и куда эту скорость привязать? Вот и получается погрешность расчетов по снипам зачастую на уровне ±30 %-50 %, часто и намного больше. А у Балановского – *«столь прозрачен, что обычно даже не обсуждается* ». Остается только руками развести от такого примитивизма «мысли».

Поясню на нескольких примерах. Ниже приведена диаграмма Y-хромосомных линий для 77 носителей субклада R1a-Z280. Числа в нижней части диаграммы показывают число снипов от узла Z280 до настоящего времени для каждого из 77 человек. В идеале это число снипов должно быть у всех одинаково, но в реальности картина сложнее. Никакой «*прозрачности, что даже не обсуждается»,* как представляется Балановскому с его ограниченными представлениями, там не и близко. На самом деле это число снипов варьируется от 22 (один человек) до 45 (два человека). Медиана – 36 снипов (7 человек), максимальное число человек (10) имеют 37 снипов, средняя величина – 35 снипов. Как считать будем, если все так прозрачно? Куда будем вставлять среднюю скорость мутации 0.8 × 10-9 на нуклеотид в год, которую приводит Балановский? Как он пишет, если секвенируют фрагмент Y-хромосомы размером в 10 миллионов нуклеотидов, то *«одна мутация произойдет в среднем за 120 лет… значит, за тысячу лет… произойдет уже целых восемь мутаций, то есть по числу мутаций можно оценить возраст гаплогруппы с приемлемой статистической погрешностью».* Балановский в присущей ему вязкой, неквалифицированной манере изложения не поясняет, что такое *«приемлемая статистическая погрешность»,* так что придется нам опять за него это показать. Итак, если считать по средней величине, то снип Z280 образовался 35 × 120 = 4200 лет назад, если по медиане, то 4320 лет назад, если по максимальному представительству, то 4440 лет назад. Но это без разброса по числу снипов, и так считать неправильно, а на самом деле должно быть между 2640 и 5400 лет назад. Это как, *«приемлемая статистическая погрешность»,* или как? И все ли там *«так прозрачно, что даже не обсуждается»?* Так и про «скорость Животовского» писали, а сейчас Балановский чешет голову, и говорит примерно «как же

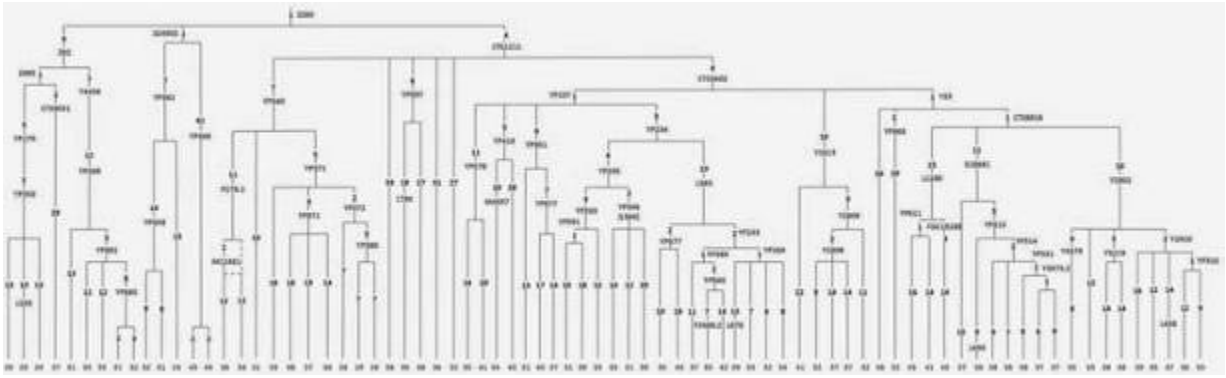
так? Разница-то в три раза»… У попгенетиков все так, «прозрачно».

Смотрим данные компании YFull, когда образовался снип Z280 по их подсчетам.



У них – 5000 лет назад. Как же так, если все так «прозрачно», что и обсуждать нечего? В чем причина? Да в том, что они берут, видимо, некое свое число снипов, одна снип-мутация у них принимается не за 120 лет, а за 144 года, и фрагмент Y-хромосомы они принимают не за 10 миллионов нуклеотидов, а за 8.47 миллионов, см. ниже. Нетрудно подсчитать, что они берут за основу примерно среднюю величину, около 35 снип-мутаций, хотя их там, как сообщено выше, между 22 и 45.

Так что у Балановского весьма примитивное представление о том, как ведутся расчеты датировок по снипам.



Но там еще менее «прозрачно», чем то, что мы сейчас показали. Смотрим на датировки образования гаплогрупп R1a и R1b по данным компании YFull.



Видим, что к R1a ведут 105 снип, к R1b – 45 снипов. Сама подача данных совершенно невразумительна, поскольку при 144 годах на снип это дает 15120 и 6480 лет, соответственно. Похоже, что это расстояния от датировки гаплогруппы R1, на что намекает разница в (27600-22000) = 5600 лет, что в целом недалеко от гаплогруппы R1b. А гаплогруппа R1a, что с ее датировкой? 27600-15120 = 12480 лет? А в таблице стоит та же 22000 лет, что и у R1b. Ах, да, по Балановскому там *«столь прозрачно, что обычно даже не обсуждается».* Всем понятно, что Балановский во всём натягивает, передергивает, жульничает? Это – его уровень, его квалификация. Его визитная карточка.

Теперь – мой взгляд на состояние датировки по снипам, поскольку Балановского слушать нельзя, нигде и ни в чем.

По данным разных исследователей, необратимые снип-мутации в Y-хромосоме, и, видимо, в ДНК в целом, происходят со средней скоростью между 0.5 × 10-9 и 1.0 × 10-9 на нуклеотид в год. В последнее время прошла серия работ независимых исследователей, в которых средняя скорость снип-мутаций определена как 0.78-0.82 × 10-9 на нуклеотид в год. Наконец, исследователи в компании YFull, которые занимаются расчетами скоростей мутаций в Y-хромосоме (Адамов, Гурьянов, Каржавин, Таганкин, Урасин, 2015, «Константа скорости SNP мутаций Y-хромосомы по данным полного секвенирования» принимают в своих расчетах величину скорости 0.8178×10-9 на нуклеотид за год, хотя такая точность

определения совершенно нереальна. Пагубное влияние попгенетики. Поскольку вся Y-хромосома – примерно 58 миллионов нуклеотидов, и если скорость снип-мутации – 0.8178×10-9 на нуклеотид за год, то это составляет 0.8178 × 10-9×58 × 106 = 0.04743 на всю хромосому в год, или 1.185 на всю хромосому за 25 лет. Даже если скорость мутаций не такая точная, а, как свидетельствуют разные публикации, между 0.5 и 1.0 × 10-9, то снип-мутации происходят в среднем между 0.725 и 1.45 мутаций на всю Y-хромосому за 25 лет. То есть как ни считать, мутации в Y-хромосоме происходят со средней скоростью примерно одна мутация за поколение.

Сформулируем по-другому – если скорость мутации брать от 0.5X10-9 до 1.0X10-9 на нуклеотид за год, то снип-мутация происходит раз в интервал времени между 34 и 17 лет. Мы уже видим, что если скорость мутации не откалибровать надежно, то точность метода датировки по снипам невелика. Помимо того, точность в реальных условиях еще более низкая, потому что почти никто не секвенирует полную Y-хромосому в поисках снипов, а секвенируют фрагменты, либо небольшие, в 300–500 тысяч нуклеотидов, либо в 10 миллионов нуклеотидов (как в методе BigY), либо, реже, в 30 миллионов нуклеотидов. Но когда пишут, что секвенируют фрагмент в 10 миллионов нуклеотидов, там фрагмент легко может оказаться между 8 и 11 миллионами, и это еще оптимистическое предположение.

Давайте посмотрим, к чему это приведет. Как отмечалось выше, компания YFull принимает величину константы скорости мутации 0.8178X10-9, в таком случае одна мутация во всей Y-хромосоме происходит в среднем раз в 1/0.04743 = 21.08 лет. Во фрагменте в 30 миллионов нуклеотидов – раз в 41 год. Во фрагменте в 10 миллионов нуклеотидов – раз в 122 лет. Если фрагменты малые, в 300 тысяч нуклеотидов, то раз в 4075 лет. Вот и выбирайте. YFull сообщает, что средний размер фрагмента Y-хромосомы, по которому они ведут расчеты, составляет 8467165 нуклеотидов (такая точность тоже смешна, ну да ладно, это у попгенетиков неисправимо). Тогда одна мутация в таком фрагменте происходит в среднем раз в 144.41 лет (это опять сообщают YFull, опять с такой точностью). Когда умножают на число снипов, к этому прибавляют еще 60 лет. Как объясняют в YFull, 60 лет – это средний возраст клиента, который к ним обращается. Такая «точность» тоже вызывает усмешку.

Итак, если читатель не хочет разбираться в деталях, то на этом этапе можно резюмировать, что если исследователи сообщают, что анализируют (в поисках снипов) фрагменты Y-хромосомы в 10 миллионов нуклеотидов, то там на самом деле может быть восемь с половиной миллионов нуклеотидов, или меньше, или больше, и если при этом считать, что скорость снип-мутации составляет именно 0.8178X10-9 на нуклеотид в год, то при фрагменте в 8.5 миллионов нуклеотидов одна снип-мутация происходит раз в 144 года. На деле там, конечно, погрешность более чем солидная.

Но это еще не всё, и погрешность часто еще значительно больше. Дело в том, что снип-мутации происходят не через равные промежутки времени, а неупорядоченно. Если при этом рассматриваются цепочки снипов протяженностью десятки и сотни тысяч лет, то это аналогично рассмотрению ситуации с сотнями бросков монеты, и погрешности из-за неупорядоченности нивелируются. Но для относительно недавних снипов метод расчета очень неточный. Например, если снип образовался 750 лет назад, то в цепочке нисходящих снипов их всего 750/144 = 5 снипов, и погрешность определения времени образования снипа, согласно формулам математической статистики, не меньше ±46 % (с 68 %-ной достоверностью) или ±92 % (с 95%ной достоверностью). В итоге погрешности у большинства датировок по снипам в таблице значительно более высокие, чем у датировок по мутациям в гаплотипах, которые рассматривает ДНК-генеалогия.

Есть еще серьезная проблема – в расчетах компании YFull часто игнорируют фактическое количество снипов, и ставят ту датировку, которая им представлется более правильной, «по понятиям». При этом они всегда постулируют, что при разветвлении снипов они образовались точно в одно и то же время, хотя это события совершенно независимые. По аналогии, если у отца двое сыновей, то их возраст далеко не всегда одинаковый, один мог

родиться, когда отцу было 18 лет, другой – когда отцу было 70 лет. Такой постулат, «о равенстве возраста сыновей» часто приводит к ситуациям, когда к одному снипу от вышестоящего ведет 5 мутаций (в среднем 720 лет), к другому 20 мутаций (в среднем 2880 лет), а YFull записывает их «возраст» как одинаковый, либо 720, либо 2880 лет, выбор датировки фактически произвольный. В итоге получаются несуразные датировки.

Примеры – в переходе R1a-Y35 > YP7278 зафиксировано 9 промежуточных снипов (это приведено в таблице на сайте YFull), что соответствует 1300 лет разницы, однако датировка для обоих снипов, родительского и нисходящего, приведена как одинаковая, 4300 лет назад. В переходе CTS3402 > CTS2613 зафиксировано 17 промежуточных снипов (2450 лет разницы), однако датировка для обоих снипов в списке YFull – одинаковые 4300 лет назад, вместо 1850 лет назад для нисходящего, как должно быть (и как дает более точная датировка по гаплотипам). И так в таблицах YFull повторяется десятки и сотни раз.

Приходится на этом столь подробно останавливаться, потому что в последнее время усиленно распространяется легенда, которую безграмотно пропагандирует Балановский, что расчеты по снипам – значительно более точные, чем любыми другими методами. Историки могут принять эту легенду за чистую монету, и опять повторится ситуация последних 15 лет, когда практически все расчеты популяционными генетиками, опубликованные в академических журналах, были кардинально искажены, с завышениями до 300–400 %. Для расчетов на времена удаленные, как правило, более 5-10 тысяч лет назад, и тем более на 100–200 тысяч лет назад, когда число снип-мутаций исчисляется многими сотнями, расчеты по снипам действительно могут оказаться полезными, но вводимые постулаты, как равенство датировок для «параллельных» снипов, опять сводит эту пользу к нулю, если не к отрицательным величинам.

Так что я весьма критически отношусь к расчетам датировок по снипам, если они не подтверждены перекрестными расчетами с использованием других методов, например, по мутациям в гаплотипах. Но часто бывает, что другие методы непригодны, или нет соответствующих гаплотипов. Тогда приходится принимать то, что есть. Но часто бывает, что совпадение расчетов по снипам и гаплотипам вполне удовлетворительное. Это придает уверенность, что в принципе подход, основанный на числе снипов, правильный, но он нуждается в доработке.

Но, как мы видим, попгенетики опять в своем амплуа – Балановский уже провозгласил, что метод расчетов по снипам самый точный, и ненавистные ему расчетные подходы ДНК-генеалогии можно отставить. Это опять было провозглашено без какого-либо исследования, и единственная статья, в которой Балановский этот метод использовал, дала неверные результаты. Дело в том, что Балановский в своей манере выхватил из многих вариантов лишь одну скорость мутации – 122 года на снип, без малейшего ее обоснования или проверки, и опять получил неверные датировки (Underhill et al, 2015, 32 автора, Eur. J. Human Genetics).

Теперь обратимся к статье Балановского с 22 соавторами (PLOS ONE, 2015), которую он представляет в своей «дискуссии» наряду с образцовыми, в которой, как объявляет, определил константу скорости мутации, равную 0.78X10-9 мутаций на нуклеотид в год. Надо же, и точность примечательная, с надежностью до второго знака, то есть почти 1 %, что, конечно, не бывает и быть не может, но он так объявляет. И на диаграмме в своей «дискуссии» он своё значение помещает прямо в яблочко, остальные светила зарубежной попгенетики гуляют со своими значениями вокруг, а «наша – лучше всех». Зная уровень Балановского как ниже среднего, я позволил себе усомниться, и данные пересчитал. И что получилось? Балановский взял данные по девяти казахам-аргынам, общий предок которых (по легендам) упомянут в хрониках в 1405 году, набросил 50 лет, выбрал из упомянутых девяти казахов шесть, привел их средний год рождения, и записал, что от общего предка до их современных шестерых потомков прошло 606 лет – замечаете, как работают попгенетики? Они возятся с мелочами, развивая якобы бурную деятельность, чтобы на «настоящую науку» было похоже, но пролетают по крупному там, в чем безграмотны. В итоге получается пшик. Так и здесь, после всей этой возни с единицами лет Балановский написал, что среднее число

снип-мутаций у шестерых выбранных казахов от их общего предка равно 4.67.

Когда я вижу, что среднее число снип-мутаций указывают с точностью до третьего знака, у меня, как у известного персонажа Пелевина, рука тянется к пистолету. Те, кто так «подают данные», либо жулики, либо безграмотные. Либо оба в одном флаконе. Смотрим на данные. Вот – числа мутаций от «общего предка» до каждого из шести современных потомков: 5, 5, 4, 7, 5, 2. Любой, имеющий элементарное арифметическое образование должен знать, что среднего из этого набора с точностью до третьего знака (то есть фактически до 0.1 %) быть просто не может. Среднее здесь равно 4.67±1.11 без округления, с натяжкой – 4.7±1.1, а на самом деле 5±1. Но пусть пока без округления, тогда средняя скорость мутаций равна не 0.78×10-9, как объявляет Балановский, а (0.77±0.18) × 10-9 мутаций на нуклеотид в год, или между 0.59 × 10-9 и 0.95 × 10-9, то есть в том же интервале, где это определения были еще несколько лет назад, то есть между 0.6 и 1.0 миллиардных долей. И нужно ему было считать годы рождения казахов-аргынов с точностью до одного года? Мог спокойно им всем по сто лет поставить, и ничего бы в его расчетах не изменилось. Ничего нового Балановский со своим коллективом в уточнение константы скорости мутации не внес. Просто еще раз продемонстрировал вопиющую математическую безграмотность. И, конечно, полное отсутствие научной школы, что, впрочем, давно было ясно.

«Научные дискуссии» по Балановскому

Переходим к следующему разделу. После всех его провалов по всему тексту, забавно, что он еще чего-то там «обсуждает», и называет это «научные дискуссии». Но раздел небольшой, всего шесть маленьких абзацев. Рассмотрим все шесть. Первый – пустой, кроме того, что трехкратные отличия «скоростей Животовского» от более приличных и обоснованных констант скоростей мутаций стали, по его мнению, *«предметом оживленных дискуссий».* Типичный стиль Балановского, что-то сказать, но вопрос не решить, и даже не попытаться.

Второй абзац – совершенно невразумительный и неверный. Балановский пытается совместить несовместимое, и цитирует Животовского, что мутации в гаплотипах возникают, конечно, с «генеалогической» скоростью, но часть гаплотипов *«элиминируются дрейфом генов»* (причем здесь гены-то? Опять Балановского в «гены» понесло, говоря о гаплотипах Y-хромосомы, в которых никаких генов нет). И, мол, потому константа скорости уменьшается, становясь 0.00069 мутаций на маркер за 25 лет. Это, конечно, глупость. Во-первых, как это «элиминирование» вдруг остановилось именно на константе 0.00069, и после этого, выходит, «элиминирования» больше не было. Во-вторых, «элиминирование гаплотипов» уменьшает количество как гаплотипов, так и мутаций в них, но среднее число мутаций на гаплотип продолжает сохраняться, на то это и константа скорости мутации. Серьезным случаем «элиминирования» является «бутылочное горлышко» популяции, но после его прохождения, если прохождение состоялось, мутации в потомках появляются опять согласно константе скорости мутации в маркерах и гаплотипах. Балановский всё не может понять, что «скорость Животовского», она же «популяционная скорость», является результатом некорректного анализа выборок гаплотипов. Они, эти выборки, являются смесью разных ветвей, и их нельзя подвергать расчету «чохом», как нельзя рассчитывать «время полураспада» смеси разных радиоактивных изотопов. А это фактически то, что делают в попгенетике.

Во всех тех примерах, которые Животовский выдавал за «калибровку», никакого «элиминирования» не было. Было манипулирование с выбрасыванием гаплотипов и подгонка под нужный ответ. А на самом деле и полинезийцы, и цыгане (см. выше) имели хороший набор гаплотипов, из которых вообще ничего не нужно было выбрасывать. Было 37 гаплотипов полинезийцев в 10-маркерном формате, во всех гаплотипах 49 мутаций от базового гаплотипа, среди всех 37 гаплотипов было 8 базовых гаплотипов. Четыре гаплотипа выпадали из общей серии, как показывает дерево гаплотипов (см. А.А. Клёсов, «Происхождение славян», стр. 446). Даже если не выбрасывать те четыре гаплотипа,

линейный метод дает 49/37/0.018 = 74 → 80 условных поколений, то есть 2000±350 лет до общего предка. Логарифмический метод дает [ln(37/8)]/0.018 = 85 → 93 условных поколений, то есть 2325±850 лет. Если же снять те четыре выпадающих гаплотипа, то логарифмический метод даст [ln(33/8)]/0.018 = 79 → 86 условных поколений, то есть 2150±790 лет. Мы видим, что все эти датировки совпадают в пределах погрешностей расчетов.

Подобная же ситуация с гаплотипами цыган, которых было 179 человек. Если считать по 8-маркерным гаплотипам, то линейный метод дает 59/179/0.013 = 25±4 условных поколений до общего предка, логарифмический метод дает [ln(179/26)]/0.013 = 27±4 поколений. Если считать по 6-маркерным гаплотипам, то линейный метод дает 34/179/0.0074 = 26±5 условных поколений до общего предка, логарифмический метод дает [ln(179/146)]/0.0074 = 27±4 поколений. Как видим, все четыре датировки практически одни и те же. Какое «элиминирование», с которым Балановский неуклюже пытается выручить «популяционную скорость»… Ясно, что Животовский считал совершенно неправильно, произвольно выбрасывал гаплотипы и подтягивал датировки.

А Балановский пишет – *«Иного объяснения трехкратным различиям скоростей в научной литературе предложено не было, и объяснение элиминацией части гаплотипов вошло в обиход».* Здесь и незнание, и ложь в одной фразе. Во-первых, там не «трехкратное» различие, а разнообразное. У 6-маркерных гаплотипов средняя скорость мутации 0.00123 на маркер за 25 лет, то есть отличие от «популяционной скорости» в 1.8 раз, у 17-маркерных гаплотипов средняя скорость мутации 0.0365, то есть отличие от «популяционной скорости» в 3.1 раз, у 25-маркерных гаплотипов – в 2.7 раз, у 37-маркерных гаплотипов – в 3.5 раз. Что касается того, что объяснения предложено не было – это ложь, я об этом подробно писал еще в 2009 году в журнале Human Genetics, там вся статья на шести страницах посвящена «методу Животовского».

Третий абзац в этом разделе Балановского – *«оставалось непонятным, какой все же скоростью пользоваться на практике».* Это только Балановскому и его соратникам подобного же низкого уровня квалификации оставалось непонятным. Подробные описания того, какой скоростью пользоваться, были даны в 2008 году на русском и английском языках в Вестнике, и активно обсуждались на сайтах, в частности, RootsWeb. В 2009 году все методы и расчеты были опубликованы в журналах Human Genetics, J. Genet. Geneal., Nature Preceedings. В 2010 году это было описано в книге «Происхождение человека». В 2011 году вышла статья совместно с И.Л. Рожанским в Advances in Anthropology, и с тех пор вышло еще много статей, последняя в 2014 году совместно с итальянским коллективом (Tofanelli, Francalacchi и др.). Впрочем, Балановский, напоминаю, писатель, а не читатель.

Четвертый абзац – опять ложь у Балановского. Он пишет – «… *данные полного секвенирования Y-хромосомы: в них «эволюционная» скорость не отличается существенно от «генеалогической* ». Примеров он опять не дает, как всегда, да таких примеров нет и быть не может.

Пятый абзац – опять Балановский запутался со своим стремлением все-таки протолкнуть «эволюционную скорость». Если попгенетикам – не жалко, им уже ничего не поможет. Он пишет, что «для более древних гаплогрупп «*эволюционная скорость подходит лучше… примерно с возрастов порядка 30 тысяч лет».* Это примерно как защищать остановившиеся часы тем, что все-таки дважды за сутки они показывают правильное время. Не подходит «эволюционная скорость» ни в каких случаях, просто считать надо правильно. На временах «порядка 30 тысяч лет» гаплотипы с «быстрыми» маркерами неприменимы, они начинают насыщаться возвратными мутациями, и число мутаций прогрессивно недосчитываются. Потому и кажется, что «скорость мутации» ниже, и при определенных временах она понизится в 3–4 раза, и приблизится к якобы «популяционной скорости». Но при еще больших временах она понизится еще больше, станет более низкой, чем «популяционная», и так далее. Нельзя же так, Балановский, свою безграмотность так выставлять напоказ. Стыдно должно быть. И это он вставляет в свою книгу! Да, хороший подарок готовится попгенетикам… Кто же такой мусор публиковать будет? Какое

издательство? В глаза бы этим издателям посмотреть.

Последний, шестой абзац. Там – гроздь банальностей и непонимания вопроса. Начинается с того, что *«окончательной ясности в этом вопросе нет»* (то есть в расчетах времен до общих предков по гаплотипам). Ясность там давно есть, просто учиться надо. Читать толковые статьи и книги, где все объяснено. Здесь же у Балановского *«возраст гаплогрупп теперь достаточно надежно определяется по результатам полного секвенирования Y-хромосомы».* К сожалению, это пока далеко не так, и это описано выше.

«Околонаучные и лженаучные дискуссии» по Балановскому

Чем дальше по «новой статье» Балановского, тем более это похоже на хрестоматийное описание Ильфом и Петровым рукописи композитора Листа, где на первой странице указано играть быстро, а далее «гораздо быстрее», «быстро как только возможно», и потом «еще быстрее!». Только у Балановского «глупо», «гораздо глупее», «глупо как только возможно», и далее «еще глупее». В этом – весь Балановский. Его следующий раздел озаглавлен «Околонаучные и лженаучные дискуссии». Его даже разбирать неинтересно. Представляете – Балановский судит (!) и решает, какие дискуссии «околонаучные», и какие «лженаучные». Интересно, зеркало у него есть?

Надо сказать, что систематическая порка Балановского в этом моем разборе его позорного «произведения» – для меня вовсе не самоцель. Я Балановского порол уже столько раз, что уже давно неинтересно. Цель этого разбора – образовательная, преподавательская. Это, если угодно, мини-учебник. Я даю определения, описания методов, примеры расчетов, то, чего у Балановского нет и близко. Его наивные и примитивные описания, что он считает «околонаучным» и что «лженаучным» – это просто смех. Там и разбирать нечего, особенно после моих объяснений и описаний выше. Там, в этом разделе Балановского, специалисту делать нечего. Балановский все время пытается вывернуться, выскользнуть, поскольку он уже, видимо, начал понимать, что что-то у него не так, причем сильно «не так». Он уже пишет, что считать датировки – это не важно, это вопрос незначительный.

Ну что мне, положить перед ним толстую кипу его статей, в которых датировки были принципиально неверными, и неверными были «интерпретации исторического характера»? Положить статьи его коллег-попгенетиков, которые датировали общих предков ариев в Индии 12–16 тысяч лет назад? Статьи Балановского, которые датировали субклад R1a-M458 (в основном славянский) временами 10 тысяч лет назад, и пришли к выводу, что арии в Индию не приходили? И на основании этой статьи

Л. Клейн написал свой мусор, показав полное отсутствие исторического чутья. Статьи коллег-попгенетиков Балановского, которые датировали расхождение христиан и мусульман на Ближнем Востоке временами 4 тысячи лет назад, когда правильные датировки дают 7–8 век н. э., время начального распространения ислама? Это же форменный цирк… И такого мусора в академической литературе – масса. А Балановский, изворачиваясь, пишет – *«трудность в определении абсолютного возраста гаплогрупп не скажется существенно на выводах* ». И здесь до него не доходит, что ерунду он пишет. А, скорее всего, доходит, но преобладает желание извернуться, не признаться, что фатально неправ.

Забавно, что Е. Балановская демагогически восклицала, что я богатство популяционной генетики называю «мусором». Да, действительно яблоко от яблони недалеко падает. Какое богатство? То, что Балановский несет в своей «дискуссии» – это богатство? Позор это, а не богатство. Вопиющая безграмотность.

Балановский «объясняет», что *«представителям науки»* неинтересны дискуссии на форумах, и удивляется, что там активно критикуется «эволюционная скорость». Да, она критикуется уже немало лет, причем критикуется предметно, с приведением конкретных примеров ее некорректности, что у Балановского, «представителя науки», как он себя именует, полностью отсутствует. Как-то на англоязычном форуме было сообщение венгерского популяционного генетика, которого подняли на смех, что в недавней статье с его участием была использована «популяционная скорость» и, естественно, получены абсурдные

выводы. Он извинился и рассказал, что поначалу авторы использовали нормальные расчеты, с «генеалогической» скоростью, но рецензенты и журнал поставили условие, что если не будет использована «популяционная скорость», то статья будет отклонена. Авторы смалодушничали, и заменили расчеты на абсурдные. Участники дискуссии это осудили как измену науке, что ученый так поступать не должен. А Балановский был одним из тех, кто эту измену науке поддерживал и пропагандировал. И он называет себя «представителем науки»!

Вот где подмена понятий в исполнении Балановского. И сейчас в том же духе он изворачивается, и называет выбор констант скоростей мутации вопросом непринципиальным (!). При этом посвятил его обсуждению 14 страниц своей «дискуссии», этому «непринципиальному вопросу». Нет, он не представитель науки. Вот в чем драма Российской академии наук – лабораторией в ее стенах, в Институте генетики, руководит Балановский, человек безграмотный, изворачивающийся, лживый, недалекий.

В этой части «дискуссии» у Балановского опять недоразумение громоздится на безграмотность. Он пишет – *«Любопытно…, что многие генеалоги начисто отрицают эволюционную «скорость Животовского», но при этом пользуются методом ASD»,* и при этом дает ссылку на (Sengupta et al, 2006), напирая на то, что метод разработан Животовским. И здесь Балановский показывает незнание предмета. Метод ASD (average squared difference, или как вариант average squared distance) не имеет никакого отношения к «скоростям Животовского». Это общепринятый в математической статистике метод расчета средних квадратичных отклонений, применяемый в различных вариантах. В ранних работах популяционной генетики его применяли (Goldstein, Linares, Cavalli-Sforza и Feldman, PNAS, 1995; Goldstein, Linares, Cavalli-Sforza и Feldman, Genetics, 1995), но это была не «разработка» метода, а его применение к описанию вариации в маркерах гаплотипов. Об этом и говорят названия статей того времени – «Оценка генетических расстояний из микросателлитных участков» (Goldsein et al, 1995, Genetics) или «Генетические расстояния и реконструкция филогенетических деревьев из микросателлитных ДНК» (Takezaki и Nei, 1996, Genetics). Причем здесь статья Sengupta через десять лет? Но главное то, что «эволюционная скорость» здесь совершенно не при чем, о чем, Балановский, видимо, не имеет понятия. В методе ASD, который для простоты назван в моих статьях и книгах «квадратичным», по формуле матстатистики рассчитывается квадрат разницы в числе аллелей попарно в каждой аллели и всеми другими аллелями, суммируется по определенным правилам и делится на число маркеров, на квадрат числа гаплотипов и на константу скорости мутации на маркер.

Например, имеем серию из трех 12-маркерных гаплотипов

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

Производится расчет разницы в аллелях «всех между всеми». В данном случае сумма квадратов их отклонений друг от друга равна 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 + 12 = 12, деленная на 2, поскольку в каждом маркере число квадратов мутаций считалось дважды, деленное на число маркеров в гаплотипе (12) и на квадрат числа гаплотипов (9), и, наконец, на величину константы скорости мутации на маркер для 12-маркерных гаплотипов (0.00167). Получаем 12/2/12/9/0.00167 = 33 условных поколений, то есть 825±480 лет до общего предка. Погрешность рассчитана по стандартным формулам, которые я много раз показывал в своих работах. Она в данном случае относительно велика, поскольку в этих трех гаплотипах имеются всего три мутации. В квадратичных методах расчетов поправка на возвратные мутации не вводится, она уже учтена самим методом расчета.

Ну, и как понять этот безграмотный пассаж Балановского – *«многие генеалоги начисто отрицают эволюционную «скорость Животовского», но при этом пользуются методом ASD»?* Впрочем, его и понимать не нужно. Не имеет Балановский понятия, но при этом пишет книгу. Да, «писатель». И будут по этой ерунде учиться новые поколения

попгенетиков. Если, конечно, не будут приняты разумные меры со стороны РАН. Я готов в этих мерах оказать содействие.

Вершиной «творчества» Балановского является раздел «Лженаучные дискуссии», практически полностью посвященный мне. Это тот самый случай, когда для Балановского «назло маме уши отморожу». Опустим его безграмотные общие рассуждения о «лженауке», это мало кому интересно. Перейдем к сути раздела. В нем – семь пунктов. Опять, опустим словоблудия Балановского, перейдем к выводам самого Балановского по каждому пункту.

Пункт 1 – о скоростях мутирования в гаплотипах. Вывод – мои подходы *«вряд ли приведут к научным ошибкам»,* поэтому они *«не вызывают нареканий».*

Пункт 2 – о логарифмическом методе. Вывод – *«и здесь особых проблем нет… остается в рамках правомочных… методов* ».

Пункт 3 – что я якобы *«объявил «генеалогическую скорость» своим изобретением».* Опять глупость, и понятно, почему Балановский обходится здесь без цитат, когда и где я это *«объявил».* Понятно потому, что он сам это придумал. Не «генеалогическую скорость» я чем-то там объявил, я это понятие вообще не использую. Нет никакой «генеалогической скорости», есть константы скоростей мутации, свои для гаплотипа каждого используемого формата. Я уже приводил примеры – для 6-маркерного гаплотипа она равна 0.0074 мутаций на маркер на условное поколение в 25 лет, для 12-маркерного гаплотипа – 0.02 (в той же размерности), для 17-маркерного гаплотипа 0.0365, для 25-маркерного 0.046, для 37-маркерного 0.090, для 67-маркерного 0.12, для 111-маркерного 0.198 мутаций на гаплотип на условное поколение. Если кто захочет узнать средние значения констант скоростей в расчете на маркер, то следует разделить приведенные выше значения на число маркеров, получим соответственно (× 10-3) 1.23, 1.66, 2.15, 1.84, 2.43, 1.79, 1.78. Ну и какая именно из них «генеалогическая скорость мутации»? Это настолько же глупо, как называть константы скоростей бесчисленного количества химических реакций все чохом «скоростями реакций», придавая этому некий количественный смысл. Опять безграничная безграмотность Балановского.

К тому же он пишет – *«Если А. А. Клёсовым и была независимо подтверждена известная задолго до него и многократно подтвержденная генеалогическая скорость… – она остается все той же… «генеалогической»* . Что это за «генеалогическая скорость», кем и как она была «многократно подтверждена» – Балановский, конечно, умалчивает. Подскажем ему – несколько раз в литературе была использована константа скорости мутации 2.0 × 10-3, которая отличается от всех, приведенных выше в этом абзаце, и она использовалась, как принято в попгенетике, одна на все случаи. Но это было только на раннем этапе попгенетики, начиная с 2004 года она была затоптана ложной «эволюционной скоростью», которую только и принимали рецензенты генетических журналов. Исключением была только моя статья в Human Genetics, которую, кстати, приняли к печати ровно через неделю после представления в журнал.

Только в 2011 году Балановский опомнился, и решил сравнить «эволюционный» и некий «генеалогический» метод, принимая к 17-маркерным гаплотипам константу скорости мутации 0.0021 на маркер на поколение в 30 лет, ссылаясь на работы по парам отец-сын. Строго говоря, так делать нельзя. Не было «30 лет на поколение» в парах отец-сын. Величина 0.0021 была получена в расчете на поколение, а не на 30 лет. Введение 30 лет без калибровки – это произвол, в науке не допустимый. При этом из расчетов Балановского удалялись маркеры DYS385a и DYS385b, так что фактически использовались не 17-, а 15-маркерные гаплотипы. Тем более если величина 0.0021 по парам отец-сын на самом деле ближе к поколению в 25 лет (мы этого просто не знаем), то при переводе в 30 лет на поколение константа станет уже 0.0025 мутаций на маркер. Коротко говоря, это все топорно. Вовсе не академично. Резюмируем – про мое «изобретение генеалогической скорости» – это опять отмораживание ушей у Балановского назло его маме. Не было этого у меня – зачем Балановскому так подставляться?

Пункт 4 – о «пошаговой инструкции расчета возраста», как я понимаю, о моей таблице

по расчету возвратных мутаций (Вестник Академии ДНК-генеалогии, 2008, том 1, № 5, стр. 812–835). Балановский ссылок опять не дает. Но он пишет – *«вещь, несомненно, полезная», «справочная таблица… тоже полезна», «итак, и на этом этапе противоречий… нет».*

Пункт 5 – опять о поправках на возвратные мутации. Балановский пишет – *«поправка… правильна»* (ай, спасибо, хотя похвала от плохенького середнячка никакой ценности не имеет). Дальше он опять переходит на бессмыслицы, типа *«ведь обратные мутации могли происходить и в примере, послужившем основой калибровки».* Опять Балановский не имеет понятия, о чем пишет. Какой пример, который *«послужил основой калибровки»?* Как водится, Балановский просто вбрасывает какие-то слова. Для калибровки используются данные документальной генеалогии, какие там «обратные мутации»? Далее Балановский пишет – *«итак, и тут в методе расчета ДНК-генеалогии нет ошибок? Возможно».* Ну и замечательно, Балановский хоть начал что-то понимать.

Пункт 6 – это уже поток сознания у Балановского. Он начинает оспаривать положение, им самим придуманное, что мои методы расчетов являются «единственно верными». Цитат, конечно, опять нет. И быть не может. Потому что в науке нет ничего «единственно верного». И как он оспаривает то, что сам придумал? Что эти методы, во-первых, уже давно *«разработаны популяционными генетиками»,* во-вторых, что они *«не единственно верные»* и *«имеют свои недостатки», «да и «генеалогическая» скорость мутирования не бесспорна».* Про «генеалогическую скорость» я уже говорил, я этот термин не использую, да и нет такого. Поэтому я не знаю, что там «не бесспорно», когда сам термин неверен. Или он про константы скоростей мутаций гаплотипов и маркеров, которые я приводил выше? Понятия «бесспорны» или «небесспорны» к ним вообще не применимы, это от безграмотности Балановского. Они оптимальны на этапе нашего современного знания. Знание продвинется, и константы могут измениться. Я их сам подправляю время от времени, когда накапливается больше данных.

Пункт 7 – это то самое «еще быстрее», о чем я иронически писал выше. Балановский подводит итог предыдущих шести пунктов, и заключает, что у меня «лженаука». Ну, не клоун ли Балановский? В четырех пунктах был вынужден признать, что мои подходы верные, в двух пунктах что-то сам придумал и приписал мне, что я якобы что-то не сам изобрел, а это было давно известно в попгенетике – так что там тогда «лженаука»? Попгенетика? И что тогда имеет в виду Е. Балановская, когда пишет про меня, что «*он обрабатывает данные непонятными методами* »? А Балановский маме перечит, пишет, что все это было известно в попгенетике. Как-то они между собой никак не договорятся.

А ничего, это стиль Балановских. Те самые инсинуации, совершенно безосновательные. Просто у них другого выхода нет, как повторять «лженаука», авось кто-нибудь клюнет. Но если и клюнут, то маргиналы. Напротив, вот несколько выдержек из писем читателей за последние несколько дней, в дополнение к той, с чего началась эта статья:

>> *Уверенность в правильности Ваших расчетов все больше возрастает. Очередную статью Балановского «Дискуссии о датировках» иначе как инсинуациями не назовешь.*

>> Если обыватель еще и почитает хотя бы некоторые Ваши статьи, все становится очевидным, что Балановский просто лжец.

>> После прочтения серии других статей Балановского, которых у него немало в последнее время, складывается впечатление, что Балановский либо некомпетентен и вообще не читал Ваши книги и статьи, либо реально тупо руководствуется принципом «лишь бы возразить».

>> Хорошо, что Балановский признал правильность генеалогических скоростей. Некуда деваться… Опять же маленько соврав по поводу того, кто эти скорости калибровал и кому первому принадлежит авторство их публикации. Я знаю, что Вы, все знают, это все давно опубликовано и в соответствующих ссылках Ваших статей это все есть. Но, мне кажется, после этой статьи Балановского нужно еще раз напомнить.

Вот об этом – настоящая статья. Балановский такой статьи не стоит, он здесь выполняет роль боксерской груши. Статья, как я уже упомянул выше – мини-учебник по константам скоростей мутаций и сопряженным вопросам. Хотелось бы, чтобы ее так и воспринимали.

Вызываю огонь на себя!

ДНК-генеалогия, если заниматься ей честно, неизбежно должна была войти в конфронтацию с популяционной генетикой в исполнении Балановских (в России), Андерхиллов и прочих (на Западе), в отношении расчетного аппарата и соответствующих исторических интерпретаций. Это было неизбежно по сути, потому что у них расчеты и основанные на них интерпретации принципиально, и часто фантастически неверны. Это было во множестве и конкретно показано в моих статьях и книгах, в очерках и дискуссиях. Пример с Клейном это ярко высветил, когда не какие-то попгенетики, а профессор истории показал полную неспособность критически интерпретировать полученные попгенетиками (кстати, в соавторстве с Балановскими) ложные данные. И никакие неуклюжие оправдания Клейна и Балановских этого не изменят.

Но конфронтация в расчетном аппарате и исторических интерпретациях – это наименьшая проблема из нескольких, перечисленных ниже, она могла бы быть решена еще давно, если бы не вмешалось наложение безграмотности, упрямства, страха за свое насиженное место у Балановских (все остальные здесь – или безотносительны, или прислужники). Либо им надо было честно признать, что их расчетный аппарат неверный, а значит, надо пересматривать и отзывать немало статей, опубликованных в «индексированных журналах», либо пойти в атаку, прекрасно понимая, что расчеты их неверны, и многое в статьях – мусор. А поскольку они это понимают, то у них один выход – это ложь, искажения, персональные нападки, подключение «административного ресурса», уход от обсуждения их ошибок и искажений в «академических» статьях. Именно поэтому Балановские отказались от прямого научного обсуждения подходов и результатов популяционной генетики и ДНК-генеалогии, которое я предложил им лично на московской конференции. Вместо этого на публике пошла волна лжи, Балановские пошли ва-банк, понимая, что возврата им уже нет. Они решили, что выход у них один – «валить и мочить», поэтому и скоординированная акция на московской ноябрьской (2014) конференции в РАН, поэтому и коллективное письмо, поэтому и поток лживых статей в СМИ. Одна проблема – я независим ни от кого. Поэтому то, что у лживой и агрессивной системы срабатывает и всегда срабатывало, со мной не пройдет.

Но помимо (1) конфронтации в расчетном аппарате, в терминах и понятиях новой науки (которые все вполне аккуратны и приемлемы, потому что наука новая, а именно новая наука создает новую терминологию), и (2) личного дискомфорта и страха у Балановских, у которых, видимо, ощущение загнанных в угол, ДНК-генеалогия породила третий фактор противостояния – это (3) идеологический конфликт в отношении истории славян и русского народа, и связанный с этим фактический раскол в российском обществе, среди «интеллигенции». ДНК-генеалогия с самого своего рождения стала противостоять русофобским, антиславянским тенденциям, взглядам, соответствующим идеологиям, мировоззрению. Это – самое крупное по значимости противостояние, которое можно представить. Нетрудно заметить, что самые ярые противники ДНК-генеалогии – сплошь норманисты. Норманизм – это не наука, это идеология.

Но до сих пор борьба между норманизмом и патриотизмом (именно так, это не «антинорманизм», это патриотизм) шла на интерпретационных позициях, на уровне «он сказал, она сказала». Одни и те же факты и наблюдения интерпретировались зеркально, и конца этому не было и быть не могло в рамках «науки». А командный ресурс (например, как в сталинские времена) науке в долгой перспективе вредит, как мы не раз видели. Поэтому

арестовать и сослать всех активных норманистов – не вариант, так как с тем же успехом можно арестовать всех активных противников норманизма. Именно потому противостояние норманизма и патриотизма (научного патриотизма, ввожу новый термин) обречено было быть вечным. И тут оказалось, что ДНК-генеалогия резко сдвигает баланс в сторону научного патриотизма, показывает, что норманизм – это фантом, это просто мировоззрение, русофобство по своей сути, и никакой твердой научной основы у него на самом деле нет. Это, начиная с М.В. Ломоносова, и утверждали противники «норманизма».

И это – самый главный конфликт ДНК-генеалогии с ее противниками. То, что у попгенетики неверный расчетный аппарат – кого это по сути интересует? То, что Балановские напуганы – да кого это опять же интересует, кроме них самих, и приятелей, которых они мобилизовали для своей защиты, а лучшая защита, как известно, это нападение? А вот затронуть идеологию антипатриотизма, русофобства, норманизма как завуалированного выражения этой идеологии – это уже поднимает их всех на дыбы. Результат мы видим в накате агрессии на «Троицком». О науке так яростно и откровенно лживо не спорят, тут же переходя на персональное «уничтожение» (так они думают), это намного сильнее науки. Поэтому я и выбрал по виду пафосный, но по сути совершенно верный термин – вызывать огонь на себя. Так и происходит.

На одной из дискуссий мне предложили – не обращайте внимания, продолжайте делать свое дело, не вызывайте огонь. Но это невозможно по самой сути противостояния. И я иду на это осознанно. Подо мной (или надо мной) – 14 поколений русского военно-боевого состава, историю которых я знаю, и это мой ментальный метроном. Я не могу представить русского дворянина, который бы сказал – а, ладно, пусть Крым забирают. Который бы употребил слово «аннексия» Крыма, а не возвращение. Надо, чтобы «дворян» среди нас было как можно больше. Это резко повышает самосознание и личное достоинство каждого в обществе. Именно поэтому на «Троицком» все время повторяли об «опасности» ДНК-генеалогии, и моей лично для общества. Это для них я опасен. Это они себя считают обществом.

Поэтому происходящая вакханалия норманистов и их попутчиков мне по сути безразлична. Тем не менее – я вижу в ней пользу, и немалую. Происходит четкое обозначение сторон. Выявляются болезненные участки у беснующихся, и ясно, что норманизм – один из наиболее болезненных. Значит, надо продолжать бить в этом направлении. Древние корни славянства – это второе, что приводит их в неистовство, значит – надо усилить исследования в этом направлении, описать эти корни более четко, дать соответствующие систематизированные основания. Выход «современного человечества» из Африки – это их беспокоит в наименьшей степени, их нападки в этом отношении – просто часть общего наката, якобы «компромат», что «он авторитетов не уважает». Прямо какой-то блатной оборот. Но ясно, что Африка – не самый приоритетный здесь вопрос, более того, статьи написаны, вопрос для меня пока закрыт, и для многих здравомыслящих тоже, будем ждать дальнейших подтверждений независимыми способами, генетика здесь пока не помощник. Ее выводы можно крутить в любую сторону, как я и показал в последних статьях по Африке.

Можно ещё и ещё публиковаться в ведущих журналах. Конечно, это дело хорошее, но на круг не столь приоритетное. Мал коэффициент полезного действия. Статей в «индексированных журналах» у меня сотни, еще десяток-другой мне лично иметь почти безразлично. Затраты времени – огромные, особенно учитывая схватки с рецензентами-попгенетиками (а именно им отдают мои статьи на рецензию), возврат статей на ревизии, и так далее. А толк? Ну, допустим, положу я несколько месяцев работы, выйдет статья в Nature или Science, и что? Что и в чем это изменит? У меня в Advances in Anthropology десятки тысяч читателей, тысячи «скачиваний» статей, и это меня вполне устраивает. Много читателей в России, десятки тысяч – на Переформате, выходят и будут выходить книги, на русском, английском и других языках. Дождемся открытия Лаборатории – ситуация изменится резко в отношении развития ДНК-генеалогии, ее специальных проектов. А там и

другие энтузиасты дело продолжат и улучшат. Правое дело за нами.

Последнее – я обращаюсь в Комиссию по борьбе с лженаукой и фальсификацией научных исследований при Президиуме РАН, или в другое независимое компетентное учреждение с настоятельным предложением провести сравнительную научную экспертизу ДНК-генеалогии и популяционной генетики – по тем вопросам, по которым сейчас происходит организованная кампания против ДНК-генеалогии. Предлагается план экспертизы по следующим разделам:

1. По расчетному аппарату в отношении временной дистанции до общих предков популяций, что важно для хронологии древних миграций и прочих ДНК-генеалогических расчетов (включая семейные генеалогии).

2. По терминологии и понятийному аппарату ДНК-генеалогии (только не в рамках лингвистики, а в рамках именно ДНК-генеалогии как независимой области науки).

3. По интерпретации результатов расчетов в отношении исторических наук.

Экспертиза будет включать как опубликованные данные и интерпретации со стороны популяционной генетики и ДНК-генеалогии, так и предлагаемые с обеих сторон примеры (серии гаплотипов для интерпретаций и расчетов). При выборе опубликованных данных в первую очередь рассматриваются научные статьи, и только во вторую очередь – научно-популярные.

Условие экспертизы: в ней должны принять личное участие все, подписавшие письмо, опубликованное на сайте «Троицкий вариант». Таким образом, ожидается получение 24 текстов Экспертизы по всем трем разделам. Со стороны ДНК-генеалогии текст экспертизы предоставляю я. Тексты экспертизы рассылаются всем участникам для второго раунда – комментариев. Результаты экспертизы – тексты и комментарии участников – публикует академический российский журнал, выбранный и согласованный Экспертной комиссией. Если «ответы 24-х» не поступят в течение срока, определенного Экспертной комиссией (желательно 30 дней), избранный Комиссией академический журнал публикует мой текст экспертизы в том формате (дискуссионный, статья, письмо в редакцию), который сочтет нужным редколлегия журнала.

Этим будут расставлены окончательные точки над 1 в предпринятой атаке на ДНК-генеалогию, и в «легитимизации» ДНК-генеалогии в российской научной системе.

А. А. Клёсов, профессор, Лауреат Государственной премии СССР по науке и технике

Послесловие. Сроки вышли, «Комиссия по борьбе с лженаукой» Президиума РАН отмолчалась, показала свою фактическую недееспособность, ни один из подписантов позорного «письма 24-х» не решился защитить свою «позицию». В этой ситуации я сам провожу научную экспертизу, сам даю ответы на вопросы. Отвечаю настоящей книгой.