

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy**

Boston-Moscow-Tsukuba

Volume 16, No. 11

November 2023

Академия ДНК-генеалогии

Boston-Moscow-Tsukuba

ISSN 1942-7484

Вестник Академии ДНК-генеалогии.

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии, 2023.

Авторские права защищены. Ни одна из частей данного издания не может быть воспроизведена, переделана в любой форме и любыми средствами: механическими, электронными, с помощью фотокопирования и т. п. без предварительного письменного разрешения авторов статей.

При цитировании ссылка на данное издание обязательна.

Составитель
Академия ДНК-генеалогии

Оформление издания
Anatole A. Klyosov

© Авторские права на статьи принадлежат Академии ДНК-генеалогии, 2023.

При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2023

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Майкопская археологическая культура: взгляд со стороны археологии и ДНК-генеалогии. <i>А.А. Клёсов</i>	1585
«Геномная популяционная генетика» и древняя история Эгеиды. <i>А.А. Клёсов</i>	1609
On “massive migration from the steppe” to the Bronze Age Europe <i>А.А. Klyosov</i>	1622
Базы данных гаплотипов по гаплогруппам Y-хромосомы. <i>А.А. Клёсов</i>	1629
Еще о «происхождении человека в Африке». <i>А.А.Клёсов</i>	1650
ДНК ЗАМЕЧАТЕЛЬНЫХ ЛЮДЕЙ	
Матвейчев Олег Анатольевич. <i>В.И. Меркулов, Е.В. Пайор</i>	1656
ЭСТЕТИЧЕСКИЙ НОКАУТ	
Юденрат XXI-го века. <i>А. Ливри</i>	1664
Прямая линия. Часть 71. <i>А.А. Клёсов</i>	1670
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 160, письма 550 - 552.	1739

Майкопская археологическая культура: взгляд со стороны археологии и ДНК- генеалогии

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Преамбула

Майкопская культура наряду с несколькими археологическими культурами Европы выделяется не только богатыми находками, но также интригующей более чем столетней историей меняющихся взглядов на ее хронологию, периодизацию, происхождение. Ничего неправильного в том, что взгляды менялись, нет, это обычный путь развития науки. Появляются новые данные – взгляды меняются, появляются новые трактовки, интерпретации – взгляды меняются. Более 10 лет назад у автора этих строк была весьма интенсивная дискуссия с Л.С. Клейном, публикация которой (Вестник Академии ДНК-генеалогии, февраль 2011) заняла более 50 страниц журнального текста, в которой я выставил парадигму ДНК-генеалогии в моем понимании против парадигмы археологии в понимании Л.С. Клейна, где Клейн в качестве нерешенных задач археологии упоминал «корни многих археологических культур, которые ведут в разные стороны». Я, со своей стороны, настаивал, что так и должно быть, если эти корни отражают роль носителей разных гаплогрупп, которые создавали наслоение культур. Иначе говоря, принятое название культуры одно, а на самом деле культура была гетерогенной, неоднородной, создаваемой в разное время разными племенами, или как они тогда назывались. Именно потому многие археологические культуры неоднородны, и со временем археологи называют их не культурой, а общностью, или горизонтом. Потому и проблемы археологов с периодизацией, типологией, хронологией многих культур, в том числе и майкопской культуры.

Разбирать то, как и почему менялись взгляды археологов на конкретные культуры – дело порой увлекательное и поучительное. Вот почему я с интересом встретил недавнюю статью археолога В.А. Трифонова под названием «Взгляды на периодизацию и хронологию майкопской культуры в исторической ретроспективе: от Н.И. Веселовского до А.А. Иессена» (Археологические вести, т. 38, 175-221, 2023). Как отметил автор, и не только отметил, а вынес в Аннотацию статьи, то есть придал этому положению статус особо важного, что на раннем этапе изучения «научное сообщество поддержало наиболее правдоподобную, но ошибочную линию в

сравнительно типологии, в то время как верное решение было первоначально отвергнуто и признано справедливым спустя почти 50 лет». На этом я, признаться, споткнулся, и пожелал узнать, кем верное решение было признано справедливым, и в какой форме это признание состоялось. И, разумеется, кто же этот выдающийся ученый, и в какой форме это верное решение было преподнесено научному сообществу. Дело в том, что так обычно не бывает, чтобы десятки лет научное сообщество заблуждалось, и чтобы вдруг раз – и ему, научному сообществу, вдруг открыли глаза, и все сразу признали это решение «справедливым». Во-первых, это должен быть всемирно известный специалист, это должны быть совершенно зубодробительные доказательства, очевидные всем. И даже в таком случае «научное сообщество» долго противится, долгие годы, а то и десятки лет, потому что написаны и пишутся книги, защищены диссертации, воспитаны школы, и потому что научному сообществу, как известно, легче использовать зубную щетку оппонента, чем признать его правоту.

Поэтому я решил немного разобраться в этом важном для понимания развития науки вопросе, кто же герой, в какой форме он/она столь резко убедили научное сообщество, какими аргументами, как это сообщество отозвалось, например, в виде обильного цитирования в научной литературе столь важного открытия, и насколько корректен автор, В.А. Трифонов, в описании того, как была поставлена точка в соответствующем изучении майкопской культуры. Ну, и, разумеется, как был решен вопрос о корнях майкопской культуры, которые, как обычно, расходятся в разные стороны.

Несколько опережая события, которые описаны ниже, сообщу, что В.А. Трифонов несколько приукрасил, мягко говоря, завершение дискуссии по майкопу. Согласно описанию Трифоновым, точку поставили две статьи, опубликованные в журнале «Советская археология» в 1977 и 1979 гг. Автор обеих статей – Мария Владимировна Андреева, в ту пору недавний выпускник университета (1975 год), старший лаборант со стажем два года (к публикации первой из этих статей), она окончила аспирантуру в 1981 году, и через 27 лет, в 2008 году, стала кандидатом исторических наук, каковым и продолжает работать в Институте археологии РАН. Пока ничего особенно противоречащего с моделью всемирно известного специалиста нет, даже в качестве старшего лаборанта, которого научное сообщество сразу признало и согласилось, что в сложном вопросе, который не был решен десятилетиями, им/ей была поставлена точка. Выяснить это очень просто – посмотреть на индекс цитирования ее статей.

Отвлечение – про индексы цитируемости научных статей

Отступим на время от майкопской культуры и поговорим об индексе цитирования научных статей. Нет, наверное, вопроса в поле организации

и оценки научной деятельности, который не был бы так запутан и извращен, как взгляд на индекс цитируемости. На днях в одном из ведущих ток-шоу на российском телевидении горячо выступал преподаватель Института дружбы народов, который призывал отменить «практику, при которой публикации на английском языке оцениваются выше, чем публикации на русском». Возможно, такая практика где-то и есть, и она, конечно, глупа, потому что дело не в языке публикаций, есть бесчисленное множество публикаций на английском и любом другом языке, которые специалисты не замечают по причине их, публикаций, никчемности. Индекс цитируемости вовсе о другом, он выявляет вхождение публикаций в международные (или российские, как часть международных) информационные потоки. Только статьи, входящие в информационные потоки, оказывают влияние на развитие науки в данном направлении. Такие статьи цитируются в научной литературе, и из многих способов количественной оценки статей по их цитированию наиболее широкое развитие приобрел индекс Хирша. Он рассчитывается так, что в оценку попадают не все опубликованные статьи, количество которых является, как известно, порочным критерием научных достижений автора, а только самые цитируемые, количество которых определяется опять же цитированием. А именно, перечень цитированных статей ограничивается их числом, когда порядковый номер статьи (в порядке их убывающей цитируемости) сравнивается с числом цитирований этой статьи. Примеры сейчас будут приведены.

В качестве условного критерия относительно успешного цитирования можно привести тот, что в американских университетах обладатель индекса Хирша, равного 15, может претендовать на занятие должности профессора (не факт, конечно, что эту должность он автоматически займет, надо еще пройти собеседование). Это означает, что у обладателя такого индекса в списке есть как минимум 15 статей, на 15-ю из которых есть 15 цитирований. У такого специалиста могут быть сотни опубликованных статей, но в «зачет» в данном случае идут только первые 15. Очень продуктивные авторы имеют индекс Хирша 100 и выше, это значит, что у них есть как минимум 100 статей, и на сотую статью есть 100 ссылок в научной литературе. На первую в списке, как правило, есть тысячи цитирований.

Так вот, согласно списку Google Scholar, общепризнанному как наиболее полный, в который входят как международные, так и национальные журналы, в том числе и многие статьи на русском языке (название которых передано латиницей) М.В. Андреева имеет индекс Хирша, равный 4. В этом международном списке первые по цитируемости ее статьи идут с числом ссылок 15, 10, 6, 4 и 4. Последняя в расчет индекса Хирша уже не входит. Надо сказать, что первая из этих статей – статья 1977 года, под названием «К вопросу о южных связях майкопской культуры» (Советская археология, 1977, № 1, 39-56), остальные – о катакомбной

культуре и о половцах. Вторая статья (1979 года) о майкопской культуре, под названием «Об изображениях на серебряных майкопских сосудах» (Советская археология, 1979, №1, 22-34) в международном списке не упомянута.

Человек, не особенно сведущий в научной цитируемости, скажет – но ведь 15 ссылок на одну статью это много, не так ли? На что ему придется повторить, что индекс цитируемости основан не на одной статье, пусть на нее хоть сотни ссылок, он основан на цитируемости серии статей, просто по определению. То есть на систематическом, множественном вкладе в научные информационные потоки. Наверное, бывает, что некто стал знаменитым в науке, опубликовав только одну статью, но мы-то не о знаменитости, мы об индексе цитируемости. А с наиболее знаменитой статьей, на которую в научной литературе сослались всего 15 раз, индекс Хирша будет в любом случае меньше 15. Может оказаться и равным двум. А может и единице.

Мне могут возразить – зачем смотреть в международные списки, когда аналогичные есть на русском языке, где число цитирований на такую основополагающую статью может зашкаливать. Хорошо, посмотрим российский список Google Scholar. Индекс Хирша опять равен 4. Это статьи с цитированием 65, 12, 12, 6, 3, дальше можно не смотреть. Первая статья – о восточноманьчской катакомбной культуре, остальные – тоже о катакомбной культуре и о скифском кургане. Ни одна из двух статей 1977 и 1979 гг о майкопской культуре в российском списке цитируемости не упоминается.

Пусть читатели делают выводы сами. Хотя можно подсказать – М.В. Андреева в информационные потоки – международный и российский – входит незначительно, первую статью (1977) зарубежные специалисты заметили, российские – нет, вторую статью (1979) не заметили ни те, ни другие. Не заметили – это не отозвались в научной литературе.

Получается, В.А. Трифонов картину изрядно приукрасил. Хотя не могу исключить, что слова «научное сообщество решение признало справедливым» В.А. Трифонов отнес к самому себе, это он признал, ну, и обобщил на все научное сообщество по части «История науки», так называется раздел в журнале «Исторические вести», где он разместил свою интерпретацию событий в отношении развития взглядов на майкопскую культуру. Да, кстати, с такими размахистыми «интерпретациями», как там у самого В.А. Трифонова с вкладом в науку в отношении цитируемости в научной литературе? Он – кандидат исторических наук, работает в отделе археологии Центральной Азии и Кавказа Института истории материальной культуры РАН в С.-П., старший научный сотрудник. Ученик Л.С. Клейна. О себе сообщает, что у него 132 научных публикации. Как там у него с цитируемостью, при таком-то количестве

публикаций? По международным спискам, индекс Хирша равен 5. По русскоязычным, равен 6. Не густо.

Теперь поясню, почему я отнесся к В.А. Трифонову несколько пристрастно, и даже посмотрел на его цитируемость. Причина – даже не в том, что он явно перекошил интерпретацию развития взглядов на майкопскую культуру, с кем ни бывает, не так ли? Причина – в другом. Прочитав статью, я написал В.А. Трифонову небольшое письмо, причем как через ресурс Academia, куда он выставил свою статью, так и для надежности ему лично, по электронной почте. Написал, что статья интересная, и что у меня есть к ней комментарии, в частности, по корням майкопской культуры, которые расходятся в разные стороны, эти комментарии основаны на рассмотрении ДНК майкопской культуры.

Что сделал, казалось бы, историк-археолог, который имеет профессиональный интерес к объекту своего исследования? Которому сообщают, что имеют дополнительные сведения об этом объекте? При том, что В.А. Трифонов в своей статье ДНК не касался, и, скорее всего, имеет о древних ДНК крайне слабое понятие, если вообще имеет? То есть когда ему предлагают, дают возможность узнать что-то новое о предмете его профессионального интереса?

И здесь переходим к самому главному. Если историк-археолог действительно профессионален, он такой возможности не пропустит. Даже если он ученик Л.С. Клейна, норманиста и русофоба. Он, безусловно, с признательностью откликнется. Или хотя бы с интересом. Или хотя бы с желанием раскритиковать что-то для себя неизвестное, такое тоже бывает.

А если историк-археолог – середнячок, что мы и видим по уровню цитируемости, когда он напек больше ста «статей», на которые научная общественность практически не обращает внимания? Что если он и не имеет никакого желания узнать для себя что-то новое? Даже из области изучения древних ДНК, исключительно перспективной и новой области науки, дающей мощный импульс современной археологии? Ну, вы понимаете. Такой и интересоваться не будет.

Так и произошло. В.А. Трифонов не позаботился ответить. Ему не интересно, да и с этикой плохо. Если, конечно, он поймет про этику. Вот тогда-то я и решил взглянуть на его цитируемость, хотя ответ уже мне был заранее известен. У таких с цитируемостью неважно, мягко говоря. В науке надо жить страстями, и это напрямую связано с цитируемостью.

Читатель может спросить – а у вас-то самого как с индексом цитируемости? Имеете ли моральное право читать по этому вопросу лекции? Отвечаю – имею. Мой индекс Хирша равен 34. Вот из чего он

состоит: 950, 376, 236, 208, 165, 150, 105, 105, 102, 94, 85, 81, 72, 69, 68, 67, 66, 64, 62, 58, 56, 53, 51, 50, 48, 46, 42, 41, 40, 39, 39, 37, 37, 35, 33, 33...

Предсказываю очередное «оправдание» - ну, у нас, в археологии, высокого цитирования нет по определению. Так передо мной пытался оправдаться Л.С. Клейн. Но я ему напомнил про Дэвида Энтони, антрополога и археолога по степным культурам юга России и Украины (как и сам Клейн), с его цитированием: 2186, 1094, 243, 216, 210, 200, 160, 145, 107, 103, 93, 83, 76, 73, 69, 61, 60, 50, 49, 48, 45, 40, 30, 28, 27, 26, 25... Индекс Хирша у Энтони равен 26.

Предсказываю, что на многих читателей индекс Хирша впечатления не произведет. Их давно сбили с толку те «академические ученые», у которых индекс Хирша минимален, и они, понятно, почему, категорически высказываются против его рассмотрения и использования. Их типичные возражения известны уже лет 50. Именно тогда автор этих строк был приглашен академиком В.А. Кабановым (тогда членом-корреспондентом АН СССР) стать ученым секретарем Комиссии по наукометрии при Президиуме АН СССР, и с тех пор участвовал в бесчисленных дискуссиях об индексах цитируемости и других способах оценки вклада в науку учеными. Это и то, что «гениальные статьи не цитируют» (можно подумать, что это актуальная проблема для тех, у кого минимальный индекс цитирования), и что «в нашей области статьи не цитируют» (см. пример выше про Л.С. Клейна, у которого цитируемость была минимальна), и что «закрытые работы не цитируют» (разумеется, но там другие способы оценки научных и прочих достижений, которые исчисляются числом звезд на погонах и на груди), и что «напиши книгу - и будет высокий индекс цитируемости» (на что я обычно отвечал - милости просим, напишите, посмотрим. У Клейна по его собственному сообщению опубликовано 40 книг, но практически ни одна не цитируется). Или что «мы и так знаем, кто заслуженный в науке» (как правило, называют «организаторов», занимающих высокие посты в научных и прочих организациях, часть их, действительно, имеют высокую цитируемость, но далеко не все, как показывает жизнь и их научные публикации).

Переходим к майкопской культуре, причем выберем «обратный» характер изложения - начнем с конца, с данных по гаплогруппам в захоронениях майкопской культуры, и соответствующих интерпретаций, без оглядки на взгляды археологов, начиная с конца XIX в., времени открытия Майкопского кургана. А затем, зная то, что археологи не знают или не знали до недавнего времени, сопоставим с эволюцией их взглядов на майкопскую культуру.

Гаплогруппы майкопской культуры

Понятно, что для разговора о гаплогруппах майкопской культуры мы должны исходить из того, что захоронения майкопа уже идентифицированы археологами, иначе откуда нам знать, что это захоронения майкопа? То, что мы говорим «без оглядки» на интерпретации археологов, означает, что мы отводим всякое давление со стороны археологов в отношении направлений миграций и происхождений (по их мнению) культуры.

Майкопская культура – это степь, примыкающая к Предкавказью, и предгорья северного Кавказа в раннем бронзовом веке, обычная датировка согласно археологам - между 5500 и 4800 лет назад (середина IV тыс – начало III тыс до н.э.). Ниже мы будем приводить фактические датировки соответствующих захоронений, которые относят к майкопской культуре. Всего в литературе описаны около 30 древних образцов ДНК майкопской культуры, однако большинство относятся к мтДНК, обычно неинформативным. Примеры даны ниже. Прежде чем привести таблицу с гаплогруппами, датировками, местами захоронений, дадим «под запятой», какие Y-хромосомные гаплогруппы были найдены до настоящего времени в майкопской культуре.

G2a-P15 > L1259 > PF3147
J-M304
J1-M267
J1-M267
J2a-M410 > Y3020 > Y11200
J2a-M410 > Y3020 > Y11200
L2-L595
L2-L595
P1-M45
R1a-M459 > YP1272
R1b-L754 > L389 > V1636
Q1b-L330
Q-L56 > L53 > L54 > L330 > YP1102
Q1b2-L933
T1-L206 (= L490)
T2a1

Как видим, майкопская культура в действительности отражала вклад различных миграций:

- из южной Месопотамии, видимо, урукские миграции начала раннего бронзового века (современный Ирак), гаплогруппы J (J1 и J2);
- со стороны Русской равнины (гаплогруппа R1a);

- со стороны ямной культуры (гаплогруппа R1b);
- со стороны центральной Европы (гаплогруппа G2a);
- со стороны Иранского плато (гаплогруппы L2 и T);
- со стороны Сибири (гаплогруппа Q1b).

Неудивительно, что корни майкопской культуры расходились в разные стороны.

Ряд перечисленных культур ассоциируются с определенными положениями костяков в захоронениях – для носителей гаплогруппы R1a было характерным скорченное положение на боку – на правом боку для мужчин, на левом – для женщин, все лицом на юг. Для носителей гаплогруппы R1b это было вытянутое положение на спине, часто с ногами, согнутыми в коленях. Для остальных гаплогрупп пока мало данных, чтобы делать определенные выводы.

Носители гаплогруппы G2a-P15 были найдены в захоронениях западной и центральной Европы с датировками около 5000 лет назад. Начиная с начала-середины III тыс до н.э. проходило заселение континентальной Европы носителями культуры колоколовидных кубков (гаплогруппа R1b-L151-P312, в меньшей степени R1b-L151-U106), продвигавшихся, видимо, с Пиренейского полуострова, и в ходе этого заселения происходил и продолжался геноцид коренного европейского населения. Многие гаплогруппы практически исчезли или прошли жесткое бутылочное горлышко выживания, выжившие бежали на периферии Европы, в частности, носители гаплогруппы G2a бежали в Малую Азию и оттуда на Кавказ (датировки общих предков гаплогруппы G2a, рассчитанные по гаплотипам наших современников, определены в интервале 7400-4400 лет назад). По некоторым данным носители G2a обнаружены в захоронениях на Дону. Вообще древние (и современные) гаплогруппы G2a «размазаны» от Бактрии до Атлантики, и особенно часто встречаются на западном и центральном Кавказе, например, в Осетии их 65-75%, в Адыгее – от 50 до 90%. Кстати, единственный образец G2a в майкопской культуре был найден в Новосвободной, в Адыгее, к юго-востоку от Краснодара. Известна ископаемая G2a в Узбекистане (с датировкой 3550-3950 лет назад), то есть II тыс до н.э.,

Носители гаплогруппы R1b, в основном субклада R1b-Z2103, были найдены в ямной культуре в Самарской области и Калмыкии (с датировками 5300-4600 лет назад), оттуда они в значительной части направились на Кавказ, и оттуда – в Закавказье и Месопотамию. Четверть мужского населения Армении в настоящее время имеет «ямную» гаплогруппу R1b-Z2103, с датировкой времен жизни общих предков около 4700 лет назад (подробнее см. ниже). Эта миграция проходила через территории майкопской культуры.

Носители гаплогруппы R1a, в основном R1a-Z93, продвинулись в Месопотамию через Кавказ со стороны фатьяновской культуры. В настоящее время эту гаплогруппу, с продолжениями R1a-Z93-Z2123 и R1a-Z93-L657, имеют 12% арабов Ближнего Востока и Персидского залива, и примерно 10% турок (соотношение указанных субкладов у последних пока неизвестно). Видимо, месопотамское происхождение имеет гаплогруппа T, а иранское – гаплогруппа L.

Гаплогруппы J1 и J2, особенно последняя, распространены на Кавказе. Датировки общих предков гаплогруппы J2 на Кавказе достигают 7000 лет назад.

Таким образом, принимая во внимание направления указанных миграций, положения костяков в захоронениях, и гаплогруппы, найденные в майкопской культуре, не подлежит сомнению, что майкопская культура должна быть неоднородной, «многослойной», и ее типология и хронология должны отражать эту неоднородность и комплексность.

Таблица. Данные о ДНК образцов из Майкопской культуры (по отнесениям археологов). Таблица сокращенная, не приведены данные по фамилиям археологов, публикациям и т.д., чтобы не перегружать таблицу. Желающие могут найти эти сведения в сети и соответствующей научной литературе, поскольку главная цель таблицы – дать современный список ДНК, обнаруженных в культуре. Датировки немного округленные, и не включают диапазон погрешностей по той же причине. В ряде случаев сипы ДНК уточнены в соответствии с современной номенклатурой. Порядок образцов – по датировкам, от более древних к менее древним.

Код образца	Датировка, среднее, лет до н.э. и лет назад	Y-ДНК	мтДНК	Местонахождение
OSS002.B0101	3805 до н.э.	J-M304	I5	Осетия, Nogir 3, курган 3
I6268	3600 до н.э., 4835 лет назад	J2a-Y3020 > Y11200	R1a	Новосвободная, курган 11
SA6010	3450 до н.э.	R1b-L754 > L389 > V1636*	U5a1g	Степной Майкоп, Шарахалсан 6, курган 2
I6266	3435 до н.э., 4615 лет назад	J2a-Y3020 > Y11200	X2f	Новосвободная, курган 11
P1720	3350 до н.э.	P1-M45	HV	Vaksanenok, курган 2
IV3002	3250 до н.э., 4630 – 4370 лет назад	T-M184 > T1-L206 (= L490)	X1'2'3	Ипатьево 3, курган 2
MK5008	3240 до н.э. 4544 лет назад	J1-M267	T1a2	Маринская 5, курган 1

П11131	3220 до н.э., 4505 лет назад	L2-L595	U4c1	Синюха, курган 1
SA6013	3220 до н.э., 4520 лет назад	R1a-M459 > YР1272	I5b	Степной Майкоп, Шарахалсан 6, курган 2
SA6004	3209 до н.э., 4500 лет назад	Q1b2-L933	U7b	Степной Майкоп, Шарахалсан 6, курган 2
МК5001	3200 до н.э.	L2-L595	K1a4	Маринская 5, курган 1
МК5004	3200 до н.э.	L2-L595	T2a1	Маринская 5, курган 1
I6272	3130 до н.э., 4440 лет назад	G2a-P15 > L1259 > PF3147	U1b1	Новосвободная (ранее - станция Царская), Длинная поляна
МК3001	2930 лет назад	Q1b-L330	K1b1a1	Маринская 3

Для пояснения, где расположены упомянутые в таблице археологические участки, приведем карту, которая была воспроизведена на Переформате, 2018, июль, с соответствующей ссылкой. Статья в Вестнике называлась «Древняя история Кавказа: «широкогеномный анализ» погнетиков» <http://pereformat.ru/2018/07/maykop/>. Ниже также приведем более детальную карту из статьи М.В. Андреевой (1977).



Разбираемая на Переформате статья (под названием «Генетическая древняя история Большого Кавказа») – сплошное недоразумение. Кстати, В.А. Трифонов – один из 46 соавторов статьи.

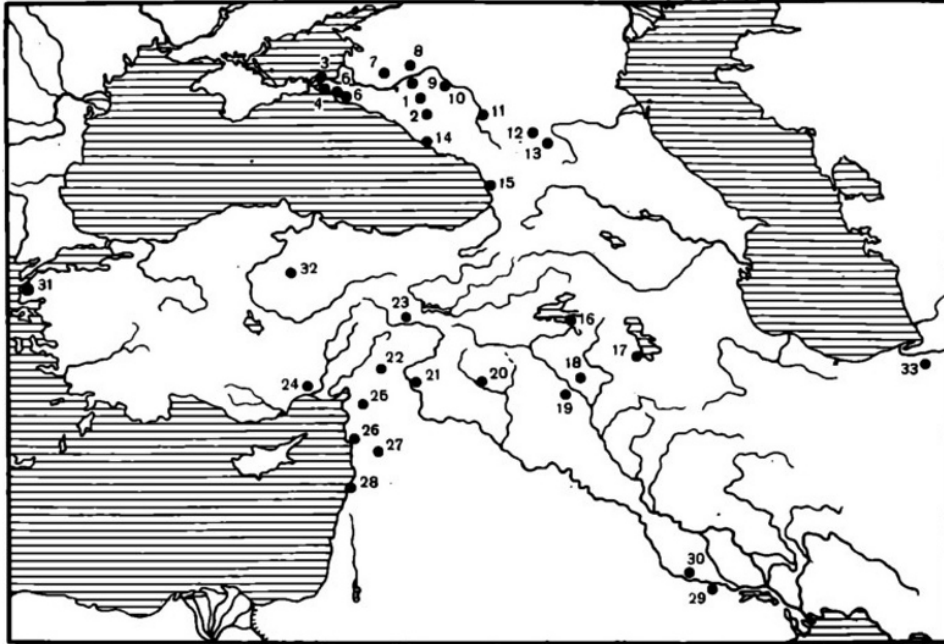


Рис. 2. 1 — БМК, 2 — Мешоко, 3 — Кепы, 4 — п-ов Фонтан, 5 — хут. «Рассвет», 6 — ст. Раевская, 7 — ст. Старомышастовская, 8 — ст. Казанская, 9 — ст. Тбилисская, 10 — г. Армавир, 11 — ст. Усть-Джегутинская, 12 — Нальчик, 13 — с. Старый Урук, 14 — Воронцовская пещера, 15 — Поты, 16 — Тилки-Теле, 17 — Геой-Теле, 18 — Гавра, 19 — Телул-ат-Талатат, 20 — Тель-Халаф, 21 — Кархемыш, 22 — Сакче-Гезу, 23 — Арслан-Теле, 24 — Тарс, 25 — Амуқ, 26 — Калаат-ар-Рус, 27 — Хама, 28 — Библ, 29 — Ур, 30 — Варка (Урук), 31 — Троя, 32 — Аладжа, 33 — теле Гиссар.

Остальные образцы Майкопской культуры типировали только на мтДНК, что практически бесполезно, за исключением возможных относительно информативных, но странных случаев, например, окажется мтДНК от австралийских аборигенов, или нативных американцев, или из Юго-Восточной Азии, которые принципиально отличаются от европейских или западноазиатских, да и в том случае – что это даст? Чтобы это решило некую историческую загадку, нужны не единичные типирования, а система из десятков, а то и сотен образцов. Дело в том, что мтДНК «размазаны» по всей Евразии (говоря в данном случае о ней), и направления миграции они обычно не указывают. Простой пример – из гарема с детьми выходит одна Y-хромосома, но большое количество мтДНК. И что это дает, решение исторической загадки? Но популяционисты продолжают определять мтДНК, не делая никаких выводов. Парадигма так сказать, такая. Modus operandi. Приведем еще полтора десятка мтДНК, найденных в майкопской культуре:

H2a1, J2a1, M52, N1b1, T2b, T2c1, T2e, U1b, U4c1, U5a1b1, U7b, U8b1a2b, V7.

Ну, о чем это говорит дополнительно к тому, что мы сообщили о Y-хромосомных гаплогруппах? Да не о чем.

Перейдем к датировкам. Сейчас майкопскую культуру датируют в диапазоне 3700-3000 лет до н.э., другие варианты – 5500-4800 лет назад. Образцы Y-хромосомной ДНК, приведенные в таблице выше, датируются

в диапазоне 3805-3200 лет до н.э. что практически не противоречит принятым датировкам. Интересно, что самые древние образцы, а именно гаплогруппы J, J1 и J2, которые мы относим по происхождению из Месопотамии, датируются 3805-3240 лет до н.э., образец с гаплогруппой R1a датирован 3220 лет до н.э., или 4520 лет назад, то есть временем миграции из фатьяновской культуры на Русской равнине (4000-4100 лет назад носители R1a-Z2123 были уже в синташтинской культуре на Южном Урале), и несколько позже, примерно 3800-3600 лет назад – в сирийском царстве Митанни). Образец R1b датирован 3450 лет до н.э., что близко к времени ранней ямной культуры, 3300-2600 лет до н.э., или хвалынской культуры, V-IV тыс до н.э. Понятно, что все эти датировки довольно условны, мы говорим о концептуальном соответствии. Будущие исследования с обеих сторон – археологии и ДНК-генеалогии – внесут уточнения.

Образцы мтДНК показали примерно те же датировки, 4000-3330 лет до н.э. по верхнему пределу датировок и 3540-3000 лет назад до н.э. по нижнему пределу датировок.

Итак, мы уже сделали выводы и предположения, основанные на Y-хромосомных гаплогруппах, их датировках, и на положениях костяков в захоронениях. Понятно, что статистика по образцам крайне мала, но выводы и предположения уже сделаны даже на столь малой статистике, осталось ждать подтверждений или опровержений, хотя что там опровергать? Древние ДНК показали, что майкопская культура – неоднородная, «многослойная», что ее корни расходятся и ведут в Месопотамию (гаплогруппы J1 и J2, видимо, и гаплогруппа T), на Русскую равнину (видимо, в фатьяновскую культуру, гаплогруппа R1a), в ямную культуру (гаплогруппа R1b), в Сибирь (гаплогруппа Q), в Европу (гаплогруппа G2a), на Иранское плато (гаплогруппа L).

Перейдем к вопросам периодизации и хронологии со стороны археологов, воспользуясь статьями В.А. Трифонова, и попытаемся связать это с данными ДНК-генеалогии, то есть в немалой степени уже зная ответ. Фразы в кавычках – обычно из обсуждаемой статьи В.А. Трофимова.

Эволюция взглядов археологов на майкопскую культуру

В этом разделе не будет детальных описаний, интересных только археологам и специалистам по истории науки. Задача, которую перед собой поставил автор этих строк – это описать именно эволюцию основных взглядов, и к чему эта эволюция привела к настоящему времени. Особое внимание уделим «реальной смене парадигм» во второй половине 1970-х годов, по В.А. Трифонову, как это произошло и в чем выразалось.

Надо подчеркнуть, что автор вовсе не ставит задачи «вытеснить» археологов с поля исследований, у ДНК-генеалогии совсем другие цели. Поэтому автор этой статьи читал работу В.А. Трифонова другими глазами, более того, глазами специалиста естественно-научного направления. Меня, признаться, мало интересовало, кто на кого из археологов последних ста лет «оказывал влияние», какие между ними были персональные отношения, ревности, игнорирование, неприязнь, кто что «зло отметил», и так далее, чему В.А. Трифонов уделял в своей статье особое внимание. Меня интересовала в первую очередь «фактура», а именно какие взгляды выдвигались на происхождение майкопской культуры, чем они были обоснованы, и как они привели к сегодняшнему состоянию вопроса. А они привели к тому, что важно для археолога, который, как правило, ничего не понимает в ДНК древних (и современных) людей, и не так важно, или совсем неважно для специалиста в ДНК-генеалогии. Что для археолога «смена парадигмы», то с привлечением данных по ДНК никакой «сменой парадигмы» не является, просто одни догадки сменились другими догадками, или вернулись к ранним догадкам, чем-то обоснованным с точки зрения археологии, но совершенно необоснованным без рассмотрения древних ДНК. А именно рассмотрение гипотез археологов вкупе (!) с данными ДНК-генеалогии приводит действительно к смене парадигмы. ДНК же В.А. Трифонова совершенно не касался, и претензий к нему нет – ну, не специалист он в этой теме. Правда, как выяснилось, он и не хотел что-либо узнать о майкопской культуре со стороны ДНК-генеалогии, об этом в предыдущем разделе.

Как упомянуто выше, Майкопский курган как исторический памятник был открыт в конце XIX века, честь открытия принадлежит Н.И. Веселовскому. Буквально через год он выступил с сообщением в Санкт-Петербургском археологическом институте «о следах ассирийской культуры в курганах северного Кавказа», и в котором отнес курган к эпохе бронзы, и отметил, что скелеты в курганах юга России находятся в скорченном положении.

Сейчас мы знаем, что скорченное положение костяков является характерным для древних носителей гаплогруппы R1a, и что носители R1a прошли миграционными путями со стороны фатьяновской культуры (4900-4000 лет назад) через Кавказ в Месопотамию и Ближний Восток, и примерно 3600 лет назад создали в Сирии митаннийское царство. Это были арии гаплогруппы R1a-Z645-Z93 и R1a-Z645-Z93-Z2123, в ходе миграции образовались также нижестоящие снп-мутации R1a-Z645-Z93-Z94-L657. Сейчас их доля среди арабов Ближнего Востока и Персидского залива составляет 12%. Таким образом, скорченное положение костяка (мужчины на правом боку, женщины на левом, все лицом на юг) уже могло бы быть характерным признаком майкопской культуры, наряду с

гаплогруппой R1a и путями миграции ее носителей, но археологи тогда этого, конечно, не знали.

Аналогично, положение на спине наряду с гаплогруппой R1b (вытянутое, или ноги могут быть подогнуты) с хорошей вероятностью указывает на миграции со стороны ямной культуры (5300-4600 лет назад) через Кавказ и далее в Месопотамию, и часть мигрантов могли осесть на территории майкопской культуры. Археологи десятки лет назад этого, конечно, тоже не знали.

На чем тогда основывались археологи в своих взглядах на происхождение майкопской культуры? Во-первых, на отсутствие в захоронениях железа и стекла и на тщательной отделке плит дольменов, на основании чего Веселовский высказался в пользу датировки памятника поздним бронзовым веком, VIII-VII вв до н.э. Это, конечно, значительное «омоложение» по сравнению с более поздними оценками, но это было только начало. Вспомним, что тогда не было метода радиоуглеродного датирования.

Рассматривая эволюцию взглядов археологов на майкопскую культуру, невозможно не обратить внимания на системную их проблему. Проблема, впрочем, для археологов известная. У них нет методологии определять направления миграций. Они находят сходные материальные признаки в разных культурах или на разных территориях, и дальше пытаются угадать, какая культура или источник были первичными, то есть откуда шел перенос данных материальных признаков в другую культуру, или культуры. Проблема в том, что сходство, похожесть (кстати, часто ошибочные) не задают направление переноса, миграции, диффузии. В.А. Трифонов описывает ситуации, когда персональные отношения между археологами влияли на выбор «направления переноса». Иногда по причине соглашательства, «авторитета» коллеги, иногда, напротив, из желания «поперечить». Меня, признаться, подобные причины не интересуют, для меня важно, если доказано, что было выбрано неверное решение, и как оно повлияло на дальнейшее развитие вопроса. Или, напротив, что было выбрано правильное (хотя бы отчасти) решение, которое было поддержано коллегами, или, напротив, проигнорировано.

Первые 10-20 лет изучения майкопской культуры в описании В.А. Трифоновым представляют собой мешанину взглядов на то, кто куда передвигался. В.А. Городцов, например, *«увлекался кавказским влиянием на степные культуры»*, хотя *«не видел в ямной культуре подходящего реципиента кавказского культурного влияния»* (1907-1910 гг). А этого «реципиента» там и быть не могло. Ямники, напротив, продвигались на Кавказ и через Кавказ, перенося с собой свою гаплогруппу R1b-Z2103, которая доминировала в ямной культуре. Результатом такого передвижения стало

обилие этой гаплогруппы на Кавказе, в Закавказье (Z2103 имеется у четверти современного мужского армянского населения), у турок, курдов, ассирийцев, езидов и т.д. Эта гаплогруппа попала в ямную культуру со стороны Южной Сибири, по цепочке R1b-M343 > L754 > M269 > L23 > Z2103, которая формировалась на протяжении 10-15 тысяч лет. А популяционные генетики и некоторые археологи, которые нахватились неверных сведений у поппгенетиков, до сих пор полагают, что это кавказцы (как и иранцы) передвигались в обратном направлении, на север, в степи, в ямную культуру.

Отметился ошибками в направлениях миграций и Чайлд, который присоединился к дискуссиям о Майкопе в середине 1920-х годов. Он полагал, что майкопцы передвинулись в фатьяновскую культуру, принеся с собой каменные боевые топоры. На самом деле миграции фатьяновцев были в противоположном направлении. Можно придирается, что те, кто ушли на юг, уже не были «фатьяновцами», но это обычные издержки археологов и историков с привязкой культур к мигрантам, которые давно покинули те культуры. От этих ошибок свободна ДНК-генеалогия, которая ходе миграций оперирует не названиями культур, а гаплогруппами. Например, бывшие фатьяновцы (и насельники культуры шнуговой керамики) имели гаплогруппу R1a, которая и передвигалась вплоть до территорий Персидского залива, и нет нужды, да было и неправильно называть их «фатьяновцами», «майкопцами» и другими.

Очередной ошибкой Чайлда было то, что он был «с теми, кто считает южнорусскую степь прародиной 'индоевропейцев'». Поскольку В.А. Трифонов не комментирует критически такие высказывания Чайлда, видимо, он с ними согласен. На самом деле южнорусские степи, как и средняя полоса будущей России, как и север, включая будущую Вологодскую область, были просто транзитными путями «индоевропейцев», а вовсе не «прародиной». Но Чайлду принадлежали и мысли, значительно опередившие свое время. Так, он считал племена со скорченными костяками «арийской сущности». Действительно, только относительно недавно, всего 15 лет назад, было найдено, что скорченными костяки, лежащие на боку, имели гаплогруппу R1a, и еще позже было выяснено, что это гаплогруппа R1a-Z645, которая уже в фатьяновской культуре получила дополнительные сипы R1a-L645-Z93-Z94-Z2123, и эти сипы были пронесены до Индии, до высших каст. В высших кастах Индии большинство имеют сипы R1a-L645-Z93-Z94-Z2123 и R1a-L645-Z93-Z94-L657, первый – со стороны фатьяновской культуры, пронесенный через абашевскую, потаповскую, синташтинскую культуру, второй – тоже со стороны фатьяновской культуры, через срубную культуру и далее через Кавказ, Месопотамию, Сирию (митаннийские арии), племена Персидского залива, и далее в Индию, видимо, морскими (каботажными)

перевозками. Чайлд, конечно, этого не знал, но исходную догадку об ариях высказал верно.

С другой стороны, Городцов был прав, будучи последовательным «в поиске проявлений месопотамского влияния на Кавказе», и что «кавказский очаг» был «потребителем месопотамской высокотехнологичной продукции и престижных украшений». Месопотамские гаплогруппы J1 и J2 (как и J) действительно активно представлены в майкопской культуре, с общими предками древностью около 7000 лет назад. Это – самые древние по происхождению гаплогруппы на Кавказе вообще и в майкопской культуре в частности. Опять Городцов (в изложении Трифонова) – «майкопские памятники восходят к месопотамскому очагу», «гипотеза Городцова о месопотамском происхождении Майкопского кургана». То, что А.М. Тальгрэн «оставил без внимания гипотезу Городцова», на мой взгляд, не стоит и упоминания, мало ли кто что оставил без внимания. Как и то, что Тальгрэн полагал, что Майкопский курган «принадлежит к эгейско-средиземноморскому кругу культур», ДНК-генеалогия это пока не показывает, хотя гаплогруппы J и J2 могли быть и оттуда. Выяснить это можно, определяя древние гаплотипы, но «геномные поппенетики» их не определяют. Придется это делать в рамках ДНК-генеалогии.

Здесь надо добавить, что Майкопский курган является «многослойным» в отношении происхождения, и помимо носителей гаплогруппы J (и подгрупп J1 и J2) из Месопотамии, там определенно сделали свой вклад и носители гаплогруппы R1a с севера, поскольку скорченное (на боку) положение костяков – это характерная часть их погребального обряда. Этот обряд пришел вместе с носителями R1a из культуры шнуровой керамики и далее фатьяновской культуры, об этом – немного ниже.

Мы уже видим, что взгляды, которые высказывали археологи в отношении майкопских курганов, часто были верными, и не стоит, как это делает Трифонов, относить верные взгляды как «надолго укоренившееся заблуждение». Например, А.А. Спицын был уверен в существовании связей между фатьяновской культурой (керамикой) и майкопской посудой, как это описывает Трифонов, сопровождая это своим мнением – «трудно представить каким путем пошло бы изучение майкопских древностей, если бы не это надолго укоренившееся заблуждение». Непонятно, на каком основании Трифонов назвал это «заблуждением». Видимо, на основании своих представлений об археологических культурах, которые (представления) не принимают многослойности культур.

Мы пока не знаем многих деталей взаимодействия фатьяновцев с северным Кавказом и результатов будущих исследований майкопских могильников с мигрантами из фатьяновской культуры, но знаем, что этот миграционный путь был – носителей гаплогруппы R1a с Русской равнины через Кавказ в Месопотамию. Вряд ли те мигранты могли не

оставить майкопские захоронения, и один пример гаплогруппы R1a в кургане 2 Шарахалсана 6, степной Майкоп, мы уже видим. Правда, там архаичная гаплогруппа R1a-YP1272, но никто не утверждает, что в фатьяновской культуре были только современные для того времени (датировка 4520 лет назад) гаплогруппы и субклады. Кстати, эта датировка приходится на времена фатьяновской культуры (4900-4000 лет назад). Можно отметить, что древние ДНК гаплогруппы R1a-YP1272 были также найдены в культуре веретье Архангельской области с датировкой 10 700 лет до н.э., на Южном Оленьем острове в Карелии с датировкой 6500 лет до н.э., и в культуре гребенчатой керамики на Балтике с датировкой 3540 лет до н.э. Мы видим, что все это севернее майкопской культуры, даже если YP1272 не были частью определенной миграции, или были захвачены миграцией фатьяновцев, которая определенно была, или были одиночные переходы – они попали в майкопское захоронение.

Относительно эволюции взглядов на датировки майкопской культуры (сначала – Майкопского кургана), которой В.А. Трифонов уделяет немалое внимание, мне, признаться, это не представляется особо интересным, потому что сейчас у нас есть разнообразные довольно объективные методы датирования. Иначе говоря, ответ мы в целом знаем. Впрочем, для истории науки это интерес должен представлять. Первая датировка (высказанная в 1898 году) пришлась на VII в. до н.э. (Веселовский), через десятилетие сместилась на VIII в. до н.э. (тоже Веселовский). Несколькими годами позже она сместилась к середине II тыс до н.э., а именно к 1500 г до н.э. (Фармаковский; Тальгрэн), и далее, в 1920-х годах – к III тыс до н.э. (Ростовцев). Тогда же, в 1920-х годах, А.М. Тальгрэн обсуждает *«воздействие культурного потока из Северной и Центральной Европы на степное население Северного Кавказа»*, упоминая в том потоке представителей культур шнуровой керамики и фатьяновцев. Сейчас мы видим, что это имело определенный смысл, хотя Тальгрэн продолжал определенно «омолаживать» культуру Майкопа, датируя его 2000-1600 гг до н.э., или даже 1800-1500 гг до н.э. Ростовцев в переписке с Тальгрэном в 1925 г. продолжает считать, что *«культуру Майкопа можно датировать и самым концом III или началом II тысячелетия»*. Тогда же Г. Чайлд *«допускал, что Майкопский курган появился в период между 3000-2500 гг до н.э.»*. Густав Коссинна (1920-е годы) опускал датировку еще ниже, до середины III тыс до н.э. Еще ниже опустил датировку памятников майкопского круга А.В. Шмидт (1929 год) – до первой половины III тыс до н.э. В следующем десятилетии (1930-е годы) А.И. Иессен датировал их *«рубежом III и II тыс до н.э.»*, в начале 1950-х гг – *«примерно пределами от 2300 до 1900 гг до н.э.»*. (1950 год), в 1960-х годах – *«начальный этап – первая половина III тыс до н.э., майкопский – около 2500-2000 гг до н.э., новосвободненский – около 2300-2000 гг до н.э.»*.

Мы видим, что эти датировки постепенно приближаются к тем, что приняты сейчас – середина IV тыс – начало III тыс до н.э. Понимая, что

датировки были сформулированы в основном только в первой четверти XX века, после которой принципиальных продвижений не было, проникаешься уважением к знаниям и интуиции перечисленных археологов, особенно на раннем этапе исследования проблемы.

Как отмечено выше, в середине 1920-х годов к исследованиям памятников майкопского круга присоединяется Гордон Чайлд. Он немедленно признал культурную связь майкопа и других памятников Кубани и Северного Кавказа с фатьяновской культурой. Трифонов называет это «*роковым сопоставлением*», хотя все участники тогдашней дискуссии были с этим согласны. И с тем, как указывал Чайлд, что многие костяки погребенных под курганом имеют скорченное положение, и с типами каменных боевых топоров, аналогичных тем, что найдены в культуре шнуровой керамики (культуре боевых топоров), и «орнаментированные шнуром кубки», характерные для той же культуры.

Как мы видим, археологи 1920-х годов были правы и в свете данных ДНК-генеалогии, потому что мигранты фатьяновской культуры определенно проходили через Северный Кавказ на своем пути на юг, в Месопотамию и на Ближний Восток. В 1930-х годах к этой концепции, хотя и косвенно, присоединился Тальгрэн, говоря о «*индоевропейской аристократии, позднее продвинувшейся в Малую Азию и известной там около 1600 г до н.э. под именем митаннийцев*». Но он продолжал считать, что майкопские памятники должны датироваться II тыс до н.э., и что митаннийцы с этой датировкой более согласуются. Опять типичная ошибка археологов, вплоть до современных – постулат о едином происхождении культуры, и если там прошли индоевропейцы, будущие митаннийцы, то вся культура должна быть датирована их временем. А на самом деле, будущие митаннийцы (гаплогруппа R1a), а они в Майкопе, безусловно, отметились, составили лишь один «слой» культуры в многослойном образовании. Да, к ним относятся времена на северном Кавказе примерно 2000 лет до н.э., то есть примерно 4000 лет назад, возможно, 4200 лет назад, но там были еще бывшие ямники (гаплогруппа R1b), 4000-5000 лет назад, то есть II-III тыс до н.э., а также древнейший «слой» - носители гаплогрупп J, J1, J2, из Месопотамии, до IV тыс до н.э., возможно, и несколько более древний.

Таким образом, В.А. Трифонов в своей статье делает ту же ошибку – это не «линии синхронизации» тех археологов, в частности, Тальгрена, ошибочны, а ошибочна концепция «единой линии синхронизации» при множественности «слоев» в майкопской культуре. Какую бы линию не взяли, она будет в лучшем случае относиться к одному «слою», или к их комбинации, что уже неверно.

Мы не рассматриваем здесь явно ошибочные концепции, не выдержавшие проверку временем, типа «азиатской колыбели индоевропейцев», «степной прародины индоевропейцев», «продвижения

индоевропейцев из южных степей в центральную Европу», «арийского продвижения из степей на запад», «курганного индоевропейского народа», «курганной теории М. Гимбутас с набегом индоевропейцев из степей в центральную Европу» и так далее. Не было в ямной культуре никаких «индоевропейцев», как не было никакой «степной прародины индоевропейцев» и не было «продвижения ямников на запад, в центральную Европу». Недавно «геномные популяционисты» решили поддержать старые представления М. Гимбутас, поддерживаемые Д. Энтони (см. выше), и настолько были «индоктринированы» этими представлениями о набеге конных орд «индоевропейцев» в центральную и западную Европу и передаче ИЕ языка оставшимся в живых коренным жителям Европы, что вынесли это положение о передаче ИЕ языка в название статьи (Nature, 2015). И это при том, что языки в этой своей статье они даже не изучали и не рассматривали, и понятно, почему – в геноме языки не записаны. Показательно, что авторы в своем энтузиазме подтвердить «перенос ИЕ языков из ямной культуры в Европу» проглядели важную особенность ДНК в ямной культуре – они имели субклад R1b-Z2103, которого в Европе практически нет. Путь ямников с «меткой» Z2103 шел не в Европу, а на юг через Кавказ и далее в Анатолию, на Ближний Восток и в будущие страны Персидского залива.

У археологов подобных ошибок немало, в том числе и тех, что связаны с майкопской культурой. Только они не те, что полагает ошибками В.А. Трифонов, как следует из отмеченного выше. Их, археологов, продолжают преследовать ошибки, связанные с направлениями миграций, с генезисом археологических культур, с интерпретациями своих данных. Казалось бы, они должны бегом бежать к ДНК-генеалогии, как мощному инструменту верификации своих выводов, а нет – они прячутся то ли под плинтус, то ли под ковер. Их лозунг – нэ трэба. Что и показал А.В. Трифонов своим нежеланием узнать для себя новые факты и их интерпретации.

Подход ДНК-генеалогии позволяет также с легкостью объяснить то, над чем ведущие археологи бились около ста лет назад, и продолжали биться позже – как объяснить «отсутствие преемственности» между «группами» памятников майкопского круга. Эти группы представляли разные гаплогруппы, разные племена, прибывавшие в разное время, и откуда у них может быть «преемственность»? Археологи обычно исходили из того, что то, что потом назвали «культурой», было единой, непрерывной системой, и потому удивлялись, почему это корни этой единой системы идут в разные стороны? Эти ошибки типичны для археологов, лингвистов, историков в разных проявлениях, например, до сих пор ищут «прародину славян», или «прародину индоевропейских языков». Они никак не осознают, что их парадигма неверна, нет у славян единой прародины, славяне – это разнородное по своему происхождению образование, их объединяет язык, но не происхождение. Славяне Русской

равнины и соседних территорий – это этнокультурное и языковое объединение, но одни пришли со стороны Урала (а до того – из Сибири) примерно 3500 лет назад, другие – со стороны Балкан и Дуная, на переходе старой и новой эры, это самое «молодое» образование, третьи прибыли на Русскую равнину со стороны Европы около 5000 лет назад, и, видимо, заложили языковую, арийскую основу. Показательно то, что современный русский язык и древнеиндийский язык по данным С.А. Старостина совпадают по базовой лексике на 54%. А поскольку потомки носителей гаплогруппы R1a-Z645 ушли с Русской равнины в Индию примерно 4500 лет назад, и унесли с собой гаплогруппу R1a-Z645-Z93, оставив гаплогруппы R1a-Z645-Z280 и R1a-Z645-M458 на Русской равнине, то понятно, что древнеиндийский язык – это развитие арийского языка в его динамике, как и современный русский язык (как и другие славянские языки), от единого корня, арийского языка 5000 лет назад.

То, что Тальгрэн в 1929 году синхронизировал Майкопский курган с ямными погребениями, было тоже важной догадкой. В той и другой культуре нашли гаплогруппу R1b, и мы знаем, что ямники прошли миграциями со стороны ямной культуры (обычно датируется 5300-4600 лет назад) через Кавказ в Месопотамию, так что могильники северного Кавказа определенно были на их пути, и не только на пути, но ямники там определенно были захоронены. Эта концепция приобретет стройность тогда, когда в майкопской культуре будут найдены гаплогруппы R1b-M269-L23-Z2103, характерные для ямной культуры.

В конце 1930-х годов австрийский археолог Франц Ханчар выделил *«финальный этап майкопских древностей, на котором переднеазиатские импорты полностью исчезают, а вместо них появляются европейские... символизируя влияние культур круга каменных боевых топоров»* (1937). Это полностью согласуется с данными ДНК-генеалогии майкопских курганов, где «переднеазиатские» (вкуче с месопотамскими, или только месопотамские) гаплогруппы – это древнейшие J, J1 и J2, которые заместились более поздними гаплогруппами R1a, культуры шнуровой керамики (культуры боевых топоров) и фатьяновской культуры. Там же, среди «слоя» R1a быть «слою» R1b, исходящий из ямной культуры, с близкими датировками. В качестве ориентации можно привести датировку общего предка носителей гаплогруппы R1b (более 90% «ямного» субклада R1b-Z2103) в современной Армении, который жил 4670±470 лет назад (расчет по 37-маркерным гаплотипам), 4720±480 лет назад (расчет по 67-маркерным гаплотипам), и при расчете по 111-маркерным гаплотипам всех R1b-Z2103 в базах данных общий предок (видимо, в ямной культуре) жил 4580±460 лет назад (А.А. Клёсов. «Народы России. ДНК-генеалогия». Питер, 2021, 782 стр.). Мы видим, с какой степенью совпадений расчетов работает ДНК-генеалогия, даже при использовании гаплотипов разного формата, и что R1b-Z2103 в современной Армении, которые составляют 25-30% от всего мужского

армянского населения (им по численности немного уступают носители гаплогруппы J2, 22%, и далее идут носители гаплогруппы J1 и G2a, по 10-12% от мужского населения). В сумме эти четыре гаплогруппы составляют почти две трети от мужского населения современной Армении, и все эти четыре гаплогруппы найдены в захоронениях майкопской культуры.

Как мы видим, археологи первых десятилетий XX века шли по правильному пути в интерпретациях майкопской культуры, а вовсе не «заблуждались», как нас пытается уверить В.А. Трифонов в обсуждаемой здесь статье. Возникает вопрос, что за «смена парадигмы» произошла в 1970-х годах и в чем она заключалась, хотя кем она якобы была проведена – мы уже поняли по описанному в Преамбуле настоящей статьи, как и то, что этой якобы «смены парадигмы» мало кто в профессиональной среде в мире заметил. Но на этом мы остановимся более подробно ниже, как и на разборе тех двух статей М.В. Андреевой 1977 и 1979 гг, которые якобы «сменили парадигму» на «один щелчок», используя изящное академическое выражение.

Какую же «парадигму» они сменили? Как описывает В.А. Трифонов, к 1970-м годам специалисты по майкопской культуре подошли с нерешенными проблемами – *«тысячелетней разницей в датировке майкопского стиля Б.В. Фармаковским и М.И. Ростовцевым»*, чему А.А. Иессен давал «скептическую оценку» (1950 г), напомним, что первый приводил датировку 1500 лет до н.э., второй – III тыс – начало II тыс до н.э. Правда, археологи с этим не «подошли», потому что Г. Чайлд *«допускал, что Майкопский курган появился в период между 3000-2500 гг до н.э.»*, а Коссинна еще в 1920-х годах опускал датировку еще ниже, до середины III тыс до н.э. Еще ниже опустил датировку памятников майкопского круга А.В. Шмидт (1929 год) – до первой половины III тыс до н.э. Еще, согласно В.А. Трифонову, *«не находил ответа вопрос происхождения майкопской культуры»*. Опять должен повторить, что такая формулировка В.А. Трифонова подразумевает, что майкопская культура должна иметь некое единое происхождение, что, конечно, не так. Разнообразие гаплогрупп в майкопской культуре такую формулировку категорически снимает.

И вот, как заключает свою статью Трифонов, решение появилось «неожиданно» в виде двух статей в журнале «Советская археология» М.В. Андреевой, которая *«вернула в научный оборот идеи М.И. Ростовцева»*, *«решила проблемы и противоречия, с которыми сам М.И. Ростовцев справиться не смог»*, и это было *«по-настоящему революционное исследование»*, на которое *«не решились А.В. Шмидт и А.А. Иессен»*. И далее – *«результат был ошеломительным – по всем основным признакам майкопские памятники входили в круг переднеазиатских культур урукского и протоэламского периодов IV тыс до н.э.»*

Хорошо, ну а как же культура шнуровой керамики, фатьяновская культура и ямная культура, не говоря о других, обсуждавшихся археологами ранее? Или речь здесь идет только о древнейшем «слое» майкопской культуры? Придется посмотреть на сами те две статьи М.В. Андреевой 1977 и 1979 гг.

Пока отвлекаясь от выводов первой статьи, поделюсь, что она при чтении производит хорошее впечатление, хорошо написана, информативна. Фактически, представляет мини-энциклопедию находок, в частности, в Майкопе и Гавре (см. вторую карту выше; из первой карты следует, что образцы Гавры на ДНК авторы не исследовали). Надо сказать, что некоторые наблюдения, на мой взгляд чрезвычайно важные, М.В. Андреева не анализировала и не комментировала. Например, она пишет, что комплексы Майкопа и Гавры близки, и на основании этого предполагает *«проникновение групп переднеазиатского населения на Северный Кавказ»*. То, что население оттуда на Северный Кавказ проникало, сомнений нет, и буквально все археологи об этом сообщали. Но дело в том, что погребальный обряд, который там же описывает Андреева, совершенно характерен для фатьяновцев, носителей гаплогруппы R1a – *«погребённые лежали в скорченном положении на правом и левом боку, руки перед лицом... ориентированы по линии северо-запад – юго-восток и северо-восток – юго-запад»*. Именно так хоронили шнуровики и фатьяновцы – в скорченном положении, мужчин на правом боку, головой на запад, женщин на левом боку, головой на восток, все лицом на юг. Руки, как правило, сложены перед лицом. Но тогда в этих захоронениях не переднеазиатское население, а мигранты с севера, носители гаплогруппы R1a (мужчины). Это, разумеется, не отвергает миграции населения с юга – Месопотамии и Передней Азии, гаплогруппы J, в частности, более того, они, видимо, были заметно древнее (IV-III тыс до н.э.) чем миграции с севера (III-II тыс до н.э.), гаплогрупп R1a (фатьяновцы) и R1b (ямники), но М.В. Андреевой было полностью упущено.

Действительно, основной, если не исключительный упор М.В. Андреева в своей статье делает на *«контакты древнего населения Северного Кавказа с переднеазиатским миром»*. Слова «фатьяновская» или «ямная» ни разу не встречаются в ее статье. Поэтому «смена парадигмы» вряд ли подходит в данной ситуации, что также показывают ее заключительные слова в статье: *«В заключение можно подчеркнуть, что предположение относительно принадлежности майкопских памятников к кругу переднеазиатских позднеэнеолитических культур совпадает с выводами, сделанными М.И. Ростовцевым на основе анализа произведений искусства из Большого Майкопского кургана»*. Ну если совпадает с выводами, сделанными еще в 1920-х годах, то вряд ли это «смена парадигмы». Справедливости ради надо сказать, что М.В. Андреева опустила датировку майкопа до IV тыс до н.э.: *«...взятые в совокупности все типичные черты майкопского искусства находят себе аналогию именно в памятниках второй половины IV тысячелетия»*

до н.э.». Коссинна и Шмидт датировали первой половиной III тыс до н.э., Ростовцев – III тыс до н.э. Если это и есть «смена парадигмы» - то хорошо, пусть будет так.

Может, смена парадигмы состоялась при выходе второй статьи М.В. Андреевой, в 1979 году? Посмотрим. Но нет, статья построена совершенно в другом стиле по сравнению с первой, и на всем своем протяжении описывает изображения на майкопских сосудах. Опять статья написана в легком академическом стиле, хорошо читается, у автора, М.В. Андреевой, безусловно есть дарование к литературному творчеству, автор тогда была всего старшим лаборантом, или, возможно, начинающим аспирантом. Но в качестве «смены парадигмы» можно рассматривать только два последних абзаца статьи с их двумя ключевыми фразами – *«вывод о тесной связи раннемайкопских памятников с культурными центрами Сирии, Северной Месопотамии и Восточной Анатолии того времени»*, и что *«изображения верениц животных, подобных майкопским, встречаются в искусстве различных областей Древнего Востока в конце IV – начале III тысячелетия до н.э., ... стилистически наиболее близки к майкопским находкам памятники Египта и Восточного Средиземноморья»*. Если это «смена парадигмы» - то археологам виднее. Миграции с севера с появлением в майкопской культуре гаплогрупп R1a и R1b так и остались за «кадром», как и роль фатьяновской и ямной культур в майкопской культуре. Опять повторю, что ДНК-генеалогия не намерена вытеснить археологов с их поля, ее задача – обратить внимание археологов на то, что они явно проглядели.

ЛИТЕРАТУРА

Андреева 1977. – Андреева М.В. К вопросу о южных связях майкопской культуры// Советская археология 1977, № 1, С. 39-56.

Андреева 1979. – Андреева М.В. Об изображениях на серебряных майкопских сосудах// Советская археология 1979, № 1, С. 22-34.

Клёсов 2011. – Клёсов А.А. Коллизия двух парадигм? Переписка с Л.С. Клейном// Вестник Академии ДНК-генеалогии 2011, Т. 4, № 2, С. 246-402.

Клёсов 2015. – Клёсов А.А. Читая В.В. Седова. «Происхождение и ранняя история славян» с точки зрения ДНК-Генеалогии// Исторический Формат 2015, № 4, 174-228.

Клёсов 2021а. – Клёсов А.А. Народы России. ДНК-генеалогия// Изд. Питер, 2021, 782 стр.

Клёсов 2021б. – Клёсов А.А. Происхождение народов. Очерки ДНК-генеалогии// М., Наше Завтра, 2021.

Старостин 1982. - Старостин С.А. Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатистика // Препринт, 1982, 3-39.

Трифонов 2023. - Трифонов В.А. Взгляды на периодизацию и хронологию майкопской культуры в исторической ретроспективе: от Н.И. Веселовского до А.А. Иессена // Археологические вести 2023. Т. 38, С. 175-221.

Haak 2015. - Haak W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S., Llamas, B., Brandt, G., et al. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe // Nature 2015, 522, 207-211.

Wang 2019. - Wang C.-C., Reinhold S., Kalmykov A., Wissgott A., Brandt G., Jeong C., Cheronet O., et al. Ancient human genome-wide data from a 3000-year interval in the Caucasus corresponds with eco-geographic regions // Nature Commun. 4, 10 (1), 590, 2019. doi: 10.1038/s41467-018-08220-8

«Геномная популяционная генетика» и древняя история Эгейды

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Эгеида – довольно редкий термин в литературе на русском языке. Под ним понимают Эгейское море, его побережья (обычно не включая сторону Малой Азии) и острова. Именно этот термин был использован в недавней статье «геномных популяционных генетиков» под названием “Ancient DNA reveals admixture history and endogamy in the prehistoric Aegean”, то есть «Древняя ДНК открывает историю примесности и эндогамии в доисторической Энеиде» опубликованной в журнале Nature Ecology & Evolution в сетевом варианте (E. Skourtanioti и др., 2023). Карта – из Википедии.



В статье – 41 автор, из них 13 сотрудников института Макса Планка, Германия, где проводился генетический анализ ископаемых образцов ДНК, в Германии также проводилось радиоуглеродное датирование образцов. В этом отношении статья строилась в ключе, ставшем обычным за последние годы в «геномной популяционной генетике» - собирается большой коллектив, из десятков, а то и сотен человек, туда включают всех, кто имел отношение к сбору древних костных остатков, в том числе музейных работников, предоставивших кости из запасников музея, и всех, кто имел отношение к подготовке костных образцов, их обработке, проведению генетического анализа, и интерпретации данных (последнее – это обычно узкий круг будущих авторов статьи), затем один пишет статью (редко двое, но такого практически не бывает, с «вторым» обычно статью согласовывают), и всех «назначенных» авторами включают в статью, все десятки или сотни человек. Статью даже в предварительном варианте никто из них, конечно, не читает и изменений не вносит, поскольку квалификация подавляющего большинства не та, а многие и понятия не имеют о генетике, тем более «геномной генетике», но тем не менее, все получают авторство, в данном случае в одном из круга журнала Nature. Зачем это делается, то, что еще пару десятков лет назад было немыслимым и неэтичным, когда дело ограничивалось объявлением благодарности в конце статьи тем, кто играли вспомогательную роль в работе над материалом или предоставляли музейные образцы? А затем, что «парадигма» изменилась. Все теперь по сути становятся равноправными авторами публикации, кому надо – вставляют ее в свои CV, Резюме или Портфолио, и так набирают количество публикаций, особенно в престижных журналах. А работа по сути проводится в одном месте, в данном случае – в институте Макса Планка в Германии, откуда тоже ввели в состав автором немало людей.

Есть еще одна причина к изменению «парадигмы» - наука в таком исполнении вернулась к тому, что считают «количеством штыков», исчисляемому числом соавторов в публикации. Много – значит, полководец сильный, способен набрать много рекрутов, или они к нему устремились под крыло, значит, главный автор сам престижный и уважаемый. У него, стало быть, много единомышленников, такой не может быть неправ. Число соавторов стало постепенно приравниваться к прочности обоснования результатов и выводов статьи. Сейчас в мире всего несколько «лидеров» «геномной популяционной генетики», у каждого – своя армия соавторов. Это, стало быть, сила. Неважно, что специалистов можно по пальцам руки пересчитать, зато «армия» большая, они вроде как все специалисты, все соавторы одного формального ранга. Кто там критиковать собрался? Армию критиковать – пустое дело, она по определению права.

На самом деле, как мы показываем в наших статьях раз за разом, «геномная популяционная генетика» в изучении древнего мира статуса науки пока не достигла, и не достигнет без изменения главных принципов своей «методологии». А главных принципов несколько – во-первых, сравнивать «похожести» совокупности множества фрагментов геномов друг с другом есть подход порочный, сродни гаданию на кофейной гуще. Во-вторых, формальные компьютерные расчеты на основе этих «похожестей» приводят к бесконечности степеней свободы в «интерпретациях», из которых «специалисты» выбирают нечто «по усмотрению». В-третьих, «похожести» оказываются таковыми по многим причинам, среди которых «похожести по обязательности» (поскольку ДНК людей, как и их фрагменты любого размера, очень похожи сами по себе, более чем на 99%, поскольку органы и ткани людей в огромной степени одни и те же), «похожести по случайности» (поскольку ДНК состоят всего из четырех нуклеотидов, и при фрагментации ДНК в самых широких пределах размеров многие фрагменты оказываются «похожими» или даже идентичными), и оставшиеся «похожести по причинам одной и той же наследственности» настолько минорны, что главной роли отнюдь не играют. В-четвертых, «похожести» геномных фрагментов не указывают на направления миграций древних людей, «похожести» по определению симметричны по направлениям; это приводит к тем же ошибкам в направлениях миграций, с чем очень часто сталкивались археологи, что и привело к катарсису в их науке в 1970-х годах, когда само понятие миграций подверглось остракизму, что продолжалось до недавнего времени. В-пятых, эти неопределенности можно было бы исправить корректным применением гаплогрупп, снипов-субкладов и гаплотипов, но «геномные популяционные генетики» на это не идут, потому что и не умеют с ними обращаться, и потому что это ограничит их фантазии при «анализе кофейной гущи».

Фундаментальная проблема «методологии» «геномной популяционной генетики», в отличие, например, от генетики наследственных заболеваний, состоит в том, что у последней есть конкретная «мишень», то есть поломанный ген. Эта «мишень» диктует направление научного поиска, и когда найдена, диктует поиск конкретных последствий в совокупности генетики и диагностики. Если «мишень» найдено правильно, то у соответствующих людей есть или предрасположенность к данному заболеванию, или оно, заболевание, уже проявилось. Иначе говоря, идет поиск или выявление обратной связи. У «геномных популяционных генетиков» в области древней истории никакой «мишени» и никакой «обратной связи» нет. Что якобы нашли, то и хорошо. Что провозгласили, то и хорошо. «Похожесть» - это путь совершенно безнадежный. По сути, это не наука. Это манипуляции с компьютерными расчетами и моделями, а компьютер разложит по полочкам любые сотни тысяч и миллионы фрагментов ДНК, которые ему дадут, и введут команды, как разложить. Разумеется, разложит. Как разложил, например, геномы ямной культуры (основная гаплогруппа

R1b) и культуры шнуровой керамики (основная гаплогруппа R1a), и «показал», что они на 80% одинаковы. А уже «интерпретаторы» решили, что культура R1a произошла из культуры R1b, потому что «похожи», и культура R1b старше. И вот эту галиматю цитируют в научной литературе сотнями и тысячами ссылок (впервые опубликовано в статье Naak al, 2005, на сегодняшний день на статью 1959 ссылок в научной печати). Или как в той же статье сделали «вывод», что ямники массами продвинулись в центральную и западную Европу, на основании того, что «европейцы» по геному «похожи» на ямников, и что там и там основная гаплогруппа R1b. А работали бы с гаплогруппами, снипами и гаплотипами, то увидели бы, что у ямников основная гаплогруппа не просто R1b, а R1b-Z2103, которой в Европе почти нет, она в подавляющем количестве ушла не в Европу, а на юг – на Кавказ, в Закавказье, в Анатолию, на Ближний Восток и в страны Персидского залива (см. последующую статью в настоящем Вестнике). Иначе говоря, только «похожесть геномов» - это путь в искажения древней истории народов. И такие примеры можно приводить десятками, если не сотнями.

Возвращаемся к разбираемой здесь статье про Эгеиду. В авторах ее, помимо 13 сотрудников института Макса Планка из Йены (Германия), еще 15 соавторов из Греции. Последние, понятно, те, кто собирали костные остатки, или чем-то еще помогали. Остальные соавторы разбросаны по разным странам и институтам-университетам. Главный автор статьи – J. Krause, как и многих аналогичных статей по «геномной популяционной генетике», из того же института Макса Планка, причем из всех его трех отделений в Йене и Лейпциге. Правда, в качестве «корреспондирующих авторов» указаны еще двое его коллег из того же Института и из Южной Кореи. Они статью определенно читали, может, и помогали писать.

О чем же статья?

Если бы авторы хоть немного понимали в ДНК-генеалогии и ее возможностях, то цель статьи заключалась бы в том, представители каких древних родов жили в Греции, на Крите и на других островах Эгейского моря, и откуда они туда прибыли. Этого было бы достаточно для понимания древней истории этих регионов. Но авторы такой задачи не ставили, во всяком случае в таком виде. Хотя они определили гаплогруппы нескольких десятков древних жителей тех регионов, в тексте статьи гаплогруппы не обсуждались, за исключением единичных упоминаний R1a, R1b и G/G2, причем первые две в связи с *«евразийскими степями в ходе бронзового века»*, третьи – то, что они *«обычны для халколитической Анатолии и Леванта»* и *«встречались в раннем голоцене в Иране/Кавказе и среди анатолийских и европейских фермеров»*. Всё, на этом обсуждение гаплогрупп в статье завершилось, все гаплогруппы были отправлены в Приложение к статье. Это – обычное дело для главного автора статьи Krause, его стиль, поэтому мы упомянули о том, что именно

он был главным в статье. В этом еще одна порочность «геномных статей», потому что одни и те же «главные авторы» пишут одни и те же тексты, как под копирку, и по сути никакого продвижения науки в их направлении не наблюдается.

Понятно, что перечислять гаплогруппы в Приложении без рассмотрения их в тексте статьи – это выбрасывать соответствующую информацию на ветер, да и одни гаплогруппы, без гаплотипов, это тоже почти пустой выброс информации в том же направлении. Но спасибо и на том, мы те гаплогруппы рассмотрим, восполним, так сказать, пробел, оставленный «геномными популяционными генетиками».

Ну хорошо, гаплогруппы они не рассматривали, гаплотипы не определяли, сипы не определяли, видимо, по простой причине – не понимают они их. Нет образования и опыта работы. Но тогда что рассматривали? Что получили, какие выводы об истории древнего мира в Греции и на Эгейских островах? Какие исторические загадки решили? А никаких. Принцип тот же – «не догоню, так согреюсь». Всю статью идут вязкие словосочетания, которые по сути ни о чем не говорят. Единственное, чему авторы уделили внимание – это эндогамия, то есть инбридинг между древними греками и эгейцами, или, проще, сексуальные отношения внутри своего замкнутого круга. Но ДНК-генеалогию это не интересует, это не есть загадки древнего мира. Явление давно известное, ничего нового, хрестоматийным примером являются евреи, оттого у них масса наследственных заболеваний. Ну, нашли у древних греков, тоже мне – «решение исторической загадки».

Как обычно при разборах статей, посмотрим на Абстракт, в который по общему пониманию авторы помещают главные результаты и выводы статьи. Многие дальше Абстракта и не читают, поэтому важно подчеркнуть, что же нашли или открыли. Но описание главных результатов и выводов – это признак адекватной научной школы. Когда ее нет, то в Абстракт помещают хоть что-нибудь, например, то, что должно быть во Введении в статью. Например, то, что проблема «важная», что она «малоизучена», что изучали много древних образцов. Это не есть главные результаты и выводы, но авторы это не понимают. Для них главное – это заполнить словами и буквами несколько страниц, выделенных под статью. То, что увидят читатели – им, авторам (точнее, главному автору) – все равно.

Итак, Абстракт. В нем ровно 20 неполных строк. В первых строках сообщается, что неолит и бронзовый век – это важные периоды генетической истории и культурных переходов, и что это мало изучено. Важные результаты и выводы статьи? Уже понятно, что адекватной школы нет. Далее сообщается, что проведен анализ геномных данных для 102 «древних индивидов» с Крита, Греции и Эгейских островов, с времен

неолита до железного века. Ну ладно, хоть какая-то информация, но не выводы. Третий Абстракт уже позади. Далее – нашли, что «ранние фермеры» Крита имеют ту же «предковость», что и островитяне неолитического Эгейского моря. Ну, хорошо, хотя руки в изумлении никто воздевать не станет. Далее нашли, что в конце неолитического периода и начале бронзового века на Крите появился «поток генов» анатолийского происхождения. К середине бронзового века в Греции появилась «предковость» из центральной и восточной Европы, и она же появилась на Крите постепенно от 17-го до 12-го века до н.э. (3700-3200 лет назад). И дальше пошло про эндогамию, которая в тех краях «практиковалась с высокой частотой». Всё. Абстракт закончился.

Не густо, на взгляд автора настоящего очерка. Все-таки 41 автор, миллионы долларов, затраченных на эти исследования. Так где же решения хоть каких-то исторических загадок? Но на них мы и не рассчитывали, это – стандартное «геномное исследование древнего мира». Другого, признаться, и не ожидалось. Попугенетика, хоть и геномная.

ДНК-генеалогия доисторической Греции и островов Эгейского моря

Прежде чем более внимательно посмотреть, что же все-таки выяснили авторы рассматриваемой статьи на указанных территориях, посмотрим на гаплогруппы, приведенные авторами в Приложении. Повторяю, что авторы их в статье практически не рассматривали, лишь несколько упомянули.

По сведениям авторов, они исследовали 102 образца древних ДНК с упомянутых территорий Эгеиды, из них 62 образца с определением гаплогрупп Y-хромосомы. Результаты по мтДНК мы здесь рассматривать не будем по простой причине – они в данном контексте практически неинформативны. Приведем простой пример. Среди 62 образцов Y-хромосомных гаплогрупп гаплогруппы R1a вообще не было, гаплогруппы R1b было четыре образца, которые авторы отнесли к субкладу R1b1a1b, то есть R1b-M269. Мало того, что это типирование совершенно поверхностное, этот субклад образовался 85 снип-мутаций назад, то есть примерно 12 200 лет назад, и с тех пор до времени Эгеиды разошелся по всей Евразии, от Сибири до Атлантики, минуя, впрочем, по данным авторов Эгеиду, но степень покрытия (то есть, попросту говоря, надежности данных) у двух образцов составила 0.05 и 0.08. Это означает, что определение R1b авторами в этих случаях совершенно ненадежно. У двух других образцов R1b степень покрытия была 0.31 и 0.39. Золотой стандарт степени покрытия (правда, для современных образцов ДНК) составляет 100, относительно приемлемые величины не менее 15-20,

практически неприемлемые величины менее 1, а уж сотые доли единицы – это можно было и не показывать. Так что примем, что R1a в Эгеиде авторы не нашли, а R1b – совсем немного.

Теперь посмотрим на гаплогруппы мтДНК, например, в ямной культуре, где нашли только R1b (за одним единичным исключением, значительно более поздним по времени захоронения). Их там целый спектр – U5a, T2a, U4, U5a, T2a, U4a, W6c, H13a, T2c, H2b, W3a, H6a. Теперь посмотрим на гаплогруппы мтДНК в фатьяновской культуре, где найдены только R1a. Их там не меньший спектр – U5a, T2a, T2b, U5b, U4, U, U2e, T1a, W6, W1c, H, H2a, H6a, H1b, H15a, H41a, J1c, K1c, K2a, K1b, N1a, I1a, R1b1. Как видим, мтДНК «размазаны» по самым разным археологическим культурам и захоронениям. Никакой специфики там нет, за исключением захоронений на других континентах, или, например, на Дальнем Востоке. А что в Эгеиде? Да те же самые – U5a, W6, H, T2b, H41a, N1a, H13a, K2a и многие другие. Иначе говоря, Y-хромосомные гаплогруппы они не сопровождают, и сами никакой специфики не показывают. Обычно рассмотрение мтДНК гаплогрупп погенетиками сводится просто к их перечислению, никаких выводов они не делают, кроме как, повторяем, на уровне континентов.

Какие же Y-хромосомные гаплогруппы авторы статьи нашли? Надо сказать, что из 62 образцов авторы датировали (в захоронениях) только 26, что еще больше сужает возможности интерпретации данных. К очередному сожалению, авторы не указывали снипы Y-хромосомных гаплогрупп, указывали только буквенно-числовые индексы, которые часто меняются в номенклатуре, что в свою очередь запутывает понимание того, что же все-таки нашли. Здесь можно только надеяться на то, что поскольку статья довольно новая, сдана в печать в мае 2022 года, авторы использовали последний вариант номенклатуры. Из этого будем исходить.

Самая распространенная гаплогруппа в Эгеиде по данным авторов – это J2, в вариантах J/J2a, J2, J2a, J2a/J2a1a, J2a2, J2a1a1a2, J2b2a1, их 26 образцов из 62, то есть больше трети. Часть из них были найдены в Греции (с датировками по захоронениям 3103-3110 лет назад, 3198-3265 лет назад, 3053-3116 лет назад, то есть поздний бронзовый век – ранний железный век), часть на Крите (с датировками 3621-3764 и 3287-3315 лет назад, то есть поздний бронзовый век), но для гаплогрупп J2a и J2b – это всё относительно недавние времена. Поскольку гаплотипы авторы не определяли, сказать, откуда их предки прибыли, практически невозможно. Но поскольку времена относительно недавние, прибыли они, видимо, из Малой Азии и Ближнего Востока. Взрыв вулкана Санторин (Тера) в Эгейском море произошел примерно 3630 лет назад, так что практически все датировки выше относятся к тем, кто прибыли (особенно на Крит) после извержения. Потому, видимо, и датировки относительно недавние.

На втором месте по распространению оказалась гаплогруппа G, в вариантах G, G/G2 (с низкими уровнями покрытия, 0.09 и 0.14), G2, G2a, G2a2a1, G2a2b2a, G2a2b2b1a1a, всего 10 образцов. Это - одна из древнейших гаплогрупп Европы, и датировки находок, действительно, начинаются с 7168 лет и 7125 лет назад (обе G/G2) на Крите, и выходят на относительно недавние датировки на островах Эгейского моря (G2a, 3097 лет назад) и в Греции, 3886 и 3252 лет назад (ранний и поздний бронзовый век).

На третьем месте по распространению оказалась гаплогруппа J1 в количестве 9 образцов, в вариантах J1, J1/J1b, J1a2a1a, J1a2a1a2 (последнего три образца, все с Крита, только один из них с датировкой 3732 лет назад), остальные из Греции и Крита, со сходными датировками 3757, 3777, 3833 и 3956 лет назад. Обращает на себя внимание, что три образца с Крита субклада J1a2a1a2 относятся к снипу J1-P58, распространенному у евреев после 4000 лет назад. Другими словами, он у евреев не обнаруживается ранее времени жизни их общего предка примерно 4000 лет назад.

На указанные три гаплогруппы, J2a, G (в основном G2a) и J1, приходится три четверти всех рассмотренных авторами образцов Эгеиды. Остальные - единичные гаплогруппы C1a2, C1a2b, CT (степень покрытия 0.04 и 0.42), J, IJK, I2a2, L, R1b-M269 (степень покрытия 0.05, 0.08 и 0.31), они прибыли в Грецию, на Крит и на остров Лазаридес (C1a2b, датировка 4171±25 лет назад) определенно по разным направлениям, но без гаплотипов их пути миграции не определить.

Образец, который имел R1b со степенью покрытия 0.31, датирован в Греции 2764±26 лет назад, то есть на два тысячелетия позже, чем R1b в ямной культуре, настолько же позже, чем R1b появились в западной и центральной Европе, и на тысячелетие с лишним позже, чем времена продвижения носителей гаплогруппы R1b через Кавказ в Анатолию и на Ближний Восток. Иначе говоря, попал в Грецию и на Крит «на излете», минуя основные миграции носителей R1b. Остальные два образца R1b с совсем ненадежной степенью покрытия - с Крита, они в статье не датированы.

«Геномная популяционная генетика» в изучении истории древней Эгеиды

Выше упомянуто «положение» из Абстракта статьи, которое гласит, что *«мы нашли, что ранние фермеры с Крита делят ту же предковость, что и неолитические жители Эгеиды»*. «Положение» странное, поскольку сами авторы в таблице указывают, что неолитических образцов в списке изученных 102 всего четыре, все они с Крита. Так кто же те «неолитические жители Эгеиды», с кем «делят предковость», что и на

Крите? Археологические датировки тех критян следующие – 7168, 7134, 7125 и 7012 лет назад. Это – двое женщин и двое мужчин, с Y-хромосомными гаплогруппами G и G/G2. Видимо, эта четверка и есть «фермеры». Как мы сообщали выше, это типичные древнейшие гаплогруппы западной и центральной Европы, видимо, оттуда и попали на Крит, еще до катастрофического извержения вулкана Санторин в Эгейском море. И вот это неряшливое «положение» про «ту же предковость» прошло напрямиком в Абстракт. В статье такого много.

Как принято у «геномных погнетиков», введение в статью описывает современные представления историков и археологов о Эгеиде, ее истории и «предистории», о минойском и микенском периодах и так далее. Но в науке так делать нельзя, поскольку нельзя допускать «навеивания» представлений соседних наук на результаты и выводы представляемых исследований. Представили результаты, сделали свои выводы и заключения, и только потом надо сообщать, что же об этом говорят смежные дисциплины, что согласуется, а что нет. Последнее очень важно, поскольку позволяет понять, какие системные или единичные ошибки допускает та или другая сторона. Но погнетики так не могут, им надо сначала ограничить себя рамками современного состояния смежных наук, и затем подгонять свои выводы, интерпретации, заключения под таковые у историков и археологов. Так удобно и комфортно, после чего провозглашается, что «генетика подтверждает выводы исторических наук», и наоборот, «исторические науки подтверждают выводы генетики». И мировые СМИ это радостно цитируют как очередной прорыв «настоящей геномной науки».

Характерно, что «геномная генетика» никогда не противоречит выводам исторических наук, и для того есть как минимум две причины. Первая – что результаты и выводы «геномной погнетики» всегда очень неопределенные, вязкие, и потому имеют бесконечное множество степеней свободы при «интерпретациях». Всегда можно выбрать то, что «не противоречит», и что якобы «подтверждает». Вторая – что противоречить никак нельзя, потому что рассерженные от противоречий, недоумевающие археологи и историки непременно потребуют показать, как так получилось, откуда противоречия? А что показывать-то? Бесконечное количество степеней свободы, откуда выбрали то, а не вполне возможное другое? Не показывать же «коэффициент К», который формально соответствует «числу исходных компонент», или, что то же самое, «числу общих предков» того или иного генома, и который выбирают совершенно произвольно, от 2 до 20, основной критерий выбора – «так лучше выглядит».

Вот этот уже устоявшийся «стиль» и применен в рассматриваемой статье. Начали, как уже упоминалось, с исторического Введения о предистории и истории Эгеиды. Так что рамки статьи этим уже определены. Понятно,

что отклонений не будет. Уже во Введении сообщили, что у минойцев и микенцев бронзового века наличествует «генетический компонент, ассоциированный с Ираном/Кавказом», но что микенцы имели «дополнительную предковость», «связанную с западно-евразийскими скотоводами или Арменией». Это ранее сообщили другие авторы, и «наши» авторы поторопились это изложить уже во Введении, как и то, что те скотоводы имеют «предковость» с «индивидами среднего бронзового века из северной Греции». Обратите внимание на формулировки типа «ассоциированный генетический компонент», «дополнительная предковость», которая «связана с западно-евразийскими скотоводами или Арменией». Как сказал песенный классик, «хорошую религию придумали поггенетики». Примерно так.

Хорошо, перейдем к разделу «Результаты». Он занимает почти всю оставшуюся статью, оставив намного меньше места для раздела «Обсуждение», в котором треть места занято обсуждением эндогамии древних жителей Эгеиды. Для ДНК-генеалогии, да и для изучения истории древнего мира это, на мой взгляд, никакого интереса не представляет, поэтому про эндогамию опустим.

При чтении «Результатов» становится понятно, почему полученные «данные» не попали в Абстракт. Да просто потому, что авторы поглощены «процессом», а не «результатами». С самого начала авторы переходят к формализованным компьютерным представлениям, которые практически никогда ничего никому не давали, разве что в совсем очевидных случаях, когда и компьютер не нужен, без него все очевидно. Этот никчемный, формализованный и маловоспроизводимый подход называется «метод принципиальных компонент». Геномные фрагменты превращают в точки, в в виде квадратиков, треугольничков и прочих ромбиков, растягивают по двум осям, и пытаются уловить, какие точки к каким ближе. А точки образуют некую нерегулярную мозаику, неупорядоченно толпятся, и авторы «улавливают смысл», как при гадании на кофейной гуще. Ничего определенного, конечно, из этого получить нельзя, авторы и не получают. Обычный оборот – «данные предполагают», например, «предполагают, что пул генов неолитического Крита связан с более широкой Эгеидой в ходе этого периода». Что за «период» - не указано. В общем, тот, где «пул генов связан». Авторы прекрасно знают, что никакого «пула генов» там нет, это привычно-фальшивый оборот, там – неким замысловатым образом самые разнообразные фрагменты ДНК превращены в «точки». Фрагменты ДНК, а не «гены».

Кульминация этого подраздела про «метод принципиальных компонент» - следующий: «индивиды позднего бронзового века отклоняются от индивидов более раннего бронзового века в сторону центральной и восточной Европы бронзового века, предполагая мультифазные генетические сдвиги в Эгеиде со времен неолита». Кто что понял? Подходит это для Абстракта? Нет, конечно. Поэтому в Абстракте практически ничего и нет.

Следующий подраздел описывает опять «процесс», а не результаты, по манипулированию с поисками «примесности». Как пишут сами авторы, они изучали применение «формальной модели примесности», перебирая разные варианты, добавляя геномные фрагменты разных регионов и эпох, и смотря, где «лучше корреляция» при компьютерном моделировании. Ни к чему разумному это не приводило, судя по описаниям авторов. Например, они сообщили, что «*мужчины из захоронений Nea Styra (в Греции) показали существенно различающиеся пропорции предковости, относящейся к Ирану*». Вызывает недоумение, какой другой результат могли ожидать авторы, когда в статье описаны всего пять древних мужчин из указанных захоронений (женщин не было), и у всех пяти разные гаплогруппы – J1a2, I2a2, G2a, L и J1. Дальше – больше, авторы сообщают, что «примесность» у этих пяти мужчин имеет «среднюю датировку» 5900±460 лет назад (что, все эти гаплогруппы усредняли?), тогда как в Приложении к статье указано, что датировки их захоронений составляют 3956, 3974, 3886, 4075 и 3933 лет назад. Так что там за примесность? У всех из Ирана? Но I2a и G2a – древнейшие европейские гаплогруппы, почему Иран? Или «так показал компьютер»?

Следующий подраздел под названием «мобильность эгейцев в среднем и позднем бронзовом веке» продолжает перебор разных вариантов поиска «примесности» с использованием «моделей». Авторы сообщают, что в качестве первого источника «примесности» они выбрали «несколько европейских популяций», а в качестве второго – ограничились скотоводами из черноморско-каспийских степей раннего бронзового века, то есть, как они указывают, примерно 4250 лет назад. Это опять вызывает недоумение – ведь среди 62 образцов Y-хромосомы они нашли всего двух носителей гаплогруппы R1b-M269, один с датировкой захоронения 2764±26 лет назад (в Греции, степень покрытия 0.31), у другого датировку не определяли (на Крите, степень покрытия 0.39), а еще у двух степень покрытия была 0.05 и 0.08, то есть надежность определения гаплогруппы была близка к нулевой. А именно среди скотоводов черноморско-каспийских степей основной гаплогруппой была R1b, причем субклада в основном R1b-Z2103, в то время как субклады в обсуждаемой статье не определяли. То есть «связи», как часто повторяют авторы статьи, не было практически никакой, или очень слабая. Тем не менее, считали «примесность». И на удивление «показали», что именно со скотоводами оказалась «близкая генетическая аффинность». Ну прямо как хрестоматийное «не верь глазам своим».

После этого уже не удивительно, что для «большинства моделей» эгейцы позднего бронзового века показывают совпадение с насельниками регионов «от Восточной Европы до центральной и южной Европы». Замечаете масштабы «совпадения»? «Адекватными в большинстве случаев» оказались «модели» между эгейцами и сербами (ранний бронзовый век), хорватами (средний бронзовый век) и итальянцами (ранний и средний

бронзовый век), как и «модели» энеолита западно-евразийских степей или центральной Европы раннего бронзового века, например, культуры шнуровой керамики в Германии. Впрочем, авторы заключают, что *«в настоящее время невозможно точнее идентифицировать регион, откуда прибыла генетическая аффинность»* (в Эгеиду). На этом, так сказать, и подвели.

Последний подраздел «Результатов» повествует о родственных отношениях между захороненными, эндогамии, обычаями вступления в брак, «сексуальном неравноправии» и подобных вопросах, которые для ДНК-генеалогии интереса не представляет, поэтому рассматривать их здесь не будем. Это не та история древнего мира, загадки которой нас интересуют.

Итак, мы завершили с рассмотрением раздела «Результаты», и переходим к разделу «Обсуждение», который состоит из нескольких параграфов. Из показанного выше понятно, что обсуждать особенно нечего, потому и в Абстракте ничего существенного нет. Когда авторы охвачены «процессом», а не результатами, то ожидать многого не приходится. Так что там в «Обсуждении»? Авторы сообщают, что их *«крупномасштабный археогеномный подход привел к новым свидетельствам роли подвижности людей в предистории Эгеиды»*. Это, конечно, банальность. То, что в регионе Эгейского моря среди 102 образцов древней ДНК найдены более 20 Y-хромосомных гаплогрупп и не меньше гаплогрупп мтДНК, уже указывает на «подвижность людей», для этого и геномы не надо анализировать.

Далее авторы сообщают, что их анализ «предполагает» (suggests) что первые неолитические переселенцы в Эгеиде прибыли из Анатолии. Впрочем, это их данные не показывают (отсюда – «предполагают»). Впрочем, преобладание гаплогруппы J2a в Эгеиде и без геномного анализа показывает, что миграции носителей этой гаплогруппы в Энеиду могли быть с Ближнего Востока или Анатолии. Имея такие сведения о гаплогруппах, непонятно, зачем был нужен «геномный анализ» с массой приближений и допущений, и «компьютерными моделированиями». В принципе, поскольку гаплотипов нет, здесь работает «принцип симметричности», и миграции могли идти с тем же успехом со стороны Средиземного моря (и из Греции) в сторону Анатолии и Ближнего Востока. Но такой вариант маловероятен, поскольку ископаемые гаплогруппы J2 и J1 в ряде случаев намного древнее на Кавказе и в Анатолии. Показательно, что «геномный анализ» этим принципом симметричности пренебрегает, направления миграций они выбирают совершенно произвольно, чтобы подогнать к известным интерпретациям исторических наук.

Следующее положение в Обсуждении то, что «наши находки показывают, что генетический ландшафт на Крите изменялся значительно после 6-го тысячелетия до н.э.». И здесь «находки» ничего нового не представляют по сравнению с данными по гаплогруппам и их датировкам. На самом деле к 6-му тыс до н.э. относятся всего четыре образца ДНК, с датировками между 7168 и 7012 лет назад, из них два образца женские, но мтДНК не определены ни у женщин, ни у мужчин. Оба мужских образца – гаплогруппа G/G, степень покрытия крайне малая, 0.09 и 0.14. гаплогруппы же показывают, что с течением времени разнообразие их быстро нарастает, достигая – среди исследованных – пары десятков тех и других. Так что то, что «ландшафт» значительно изменяется, видно и без геномов, просто по гаплогруппам.

Потом то, что измеряли (что именно – не сообщили) отнесли к тому, что это могло бы (именно так) означать слом социальной структуры или климатическим «вызовам» в конце 3-го тыс до н.э. Понятно, что в Абстракт такое просто не могли поместить, формат «могло бы» научным не является. Возможно, причиной было извержение вулкана Санторин (Тера) в середине 2-го тыс до н.э., и зная «точность» датировок по геномным данным обе эти датировки вполне могли совпадать и относиться к взрыву вулкана, но авторы это не упомянули. Впрочем, это тоже гадание, и к науке не особенно относится, но так построена и вся статья, так что это гадание было бы в стиле статьи. Остальное «обсуждение» - в том же стиле, в виде неопределенного гадания. Последний абзац, самый большой, об эндогамии, которую мы здесь не рассматриваем. Вопросы доисторического инцеста пусть разбирают другие. На этом «обсуждение» закончилось. Заключение в статье не было, ни как отдельного раздела, ни как каких-то фраз на этот счет.

На самом деле заключение простое – очередная «попгеномная тягомотина», более положительных слов подобрать трудно. Но это обычное дело, у них практически все статьи по «геномной попгенетике» такие же.

On “massive migration from the steppe” to the Bronze Age Europe

Anatole A. Klyosov

www.anatole-klyosov.com

Decades ago, Marija Gimbutas had advanced the so-called Kurgan hypothesis, a core of which was a suggestion that Proto-Indo-European (PIE) spread from the Pontic-Caspian steppe around 3000 BCE, when thousands of horsemen have swept into Bronze Age Europe. It is commonly accepted by those who support the hypothesis which is also referred to as the Kurgan theory that PIE herders have spread mainly from Yamnaya archaeological horizon. This concept has been promoted recently by genome studies¹ that allegedly showed mass migration from Yamnaya to Europe. As a result, as commonly proposed, the Yamnaya contributed to at least half of central Europeans’ genetic ancestry. Since the principal Y-chromosomal haplogroup identified in Yamnaya was R1b with the only “deep” subclade/SNP Z2103, one could expect that Z2103 along with its downstream subclades is the predominant subclade in Central and Western Europe. Here we present data from major databases (FTDNA and YFull) amounting to more than 15 thousand entries from Europe, which show that R1b-Z2103 and its downstream subclades, representing present-day descendants from Yamnaya (and associated archaeological “steppe cultures”) are almost absent in Europe; present in singular percent or, more often, in fractions of a percent. We also present data that R1b-Z2103 bearers moved from Bronze Age Yamnaya and associated steppe cultures not to the West, but to the South, to the Caucasus, Anatolia, and Middle East regions. For example, Z2103 descendants who live in Armenia or Turkey exceed in numbers in said databases all Z2103 descendants living in Central and Western Europe combined.

Аннотация

Более полувека назад археолог Мария Гимбутас выдвинула так называемую «курганную теорию», одним из основных положений которой было то, что прото-индоевропейские языки распространились в Западную Европу из причерноморских и прикаспийских степей примерно 3000 лет до н.э., когда тысячи конных наездников вторглись на запад, уничтожили коренное население и принесли оставшимся индоевропейские языки. Обычно принимается, что исходным регионом вторжения была ямная культура, или древняя культура

историческая общность (3300-2600 лет до н.э.). Эта концепция была поддержана несколько лет назад геномными исследованиями, где упор был сделан на ямную культуру, в которой на многих костных остатках было продемонстрировано, что все они содержат гаплогруппу R1b, ту самую, которая доминирует среди современного мужского населения Западной Европы. Поскольку позже было определено, что основным субкладом/снипом в ямной культуре был R1b-Z2103, то можно ожидать, что этот субклад (с нижестоящими снипами) окажется преобладающим для мужского населения Центральной и Западной Европы. Нами показано, что это не так. Здесь мы представляем данные из наиболее известных баз данных FTDNA и YFull, содержащих более 15 тысяч образцов европейских ДНК, которые показывают, что R1b-Z2103 и нижестоящие снипы (которые образовались за последние тысячелетия, и обычно связываются археологами и палеогенетиками со «степными культурами») почти полностью отсутствуют в Европе. Их доля обычно составляет для всех регионов Западной и Центральной Европы единицы процентов, и чаще доли процентов. Представленные нами данные показывают, что древние носители субклада R1b-Z2103 продвинулись из ямной культурно-исторической общности и сопряженных «степных культур» не на запад, но на юг, на Кавказ и далее в Анатолию и регионы Ближнего Востока. Например, носители снипа Z2103, которые сейчас живут в Армении и Турции, далеко превосходят по численности тех, кто в совокупности живут в Центральной и Западной Европе.

Decades ago, Marija Gimbutas had advanced the so-called Kurgan hypothesis²⁻⁴, a core of which was a suggestion that Proto-Indo-European (PIE) spread from the Pontic-Caspian steppe around 3000 BCE, when thousands of horsemen have swept into Bronze Age Europe. It is commonly accepted by those who support the hypothesis, also referred to as the Kurgan theory, that PIE herders spread mainly from Yamnaya archaeological horizon and brought Indo-European (IE) languages to Europe. Alternative views on the origin of IE languages, such as Anatolian hypothesis^{5,6}, suggest that they originated in Anatolia in the Stone Age and moved to Europe with the spread of farming. There are similar in-kind views such as the Balkan hypothesis, among others; however, the Kurgan theory as associated with Yamnaya culture has been promoted recently by genome studies¹ which allegedly shown mass migration from Yamnaya to Europe. As a result, it is commonly stated that the Yamnaya contributed to at least half of the central Europeans' genetic ancestry. An impact of the Haak's paper¹ was quite significant; by October, 2023 it has collected 1959 citations in the literature⁷.

Let us examine the basics for reality of that “mass migration” from Yamnaya to Europe. As it was reported in the same paper¹, and confirmed in several other papers^{8,9}, the principal Y-chromosomal haplogroup identified in Yamnaya, was

predominantly haplogroup R1b (11 out of 12 ancient samples, with an exception of a single haplogroup I2a in Kalmykia), with the only “deep” subclade/SNPs R1b-Z2103 (equivalent to R1b-Z2105 and R1b-CTS1078) in four samples out of seven samples in Yamnaya-Samara, and in one sample out of five samples in Yamnaya-Kalmykia. The remaining seven samples of R1b haplogroup were typed only for “shallow” SNPs, such as R1b-M269, which is not informative in this context (it was formed around 13300 years before present¹⁰, while Yamnaya culture is dated between 5300 and 4600 years before present, ybp). For a comparison, subclade R1b-Z2103 arose around 5900 ybp¹⁰, not too long before Yamnaya itself. Hence, it may be indicative for migrations of Yamnaya people. Also, R1b-Z2103 was found in the neighboring Poltavka archaeological culture as two out of three ancient samples⁹, and the remaining sample was again R1b-M269.

Based on what is said above, we can employ R1b-Z2103 as a marker which would have followed Yamnaya (and Poltavka) people wherever they moved. Based on the Kurgan theory along with its support by Haak’s paper¹, we would have expected to discover R1b-Z2103 in great amounts in Central and Western Europe. Remarkably, it is not so. Not even close. It turned out that the predominant R1b subclade in Europe is R1b-P312 that was not detected in Yamnaya, and was spread all over Europe by Bell Beakers.

R1b-P312 is related to R1b-Z2103 through their common ancestor R1b-L23 as follows^{10,11}:

R1b-M343 > L754 > L388 > P297 > M269 > L23 > (Z2103 + L51)

L51 > L52 > PF6538 > L151 > (P312 + U106)

Subclade L23 arose about 5900 ybp, and both Z2103 and L51 were formed within a short time after it¹⁰. Those calculations were made based on a quantity of SNPs formed between subclades, systematically reported by YFull group¹⁰.

As one can see, centuries prior Yamnaya bearers of Z2103 and L51 appear to have split, with Z2103 establishing Yamnaya, and L51 elsewhere, through migration of yet unidentified. Bearers of L51 that were excavated in Poland, dated 4301-4411 ybp; their (subclade) descendants of L151 were found in Czechia dated 4850-4150 ybp, and of PF6538 were identified in burials in Poland¹⁰ dated 4409-4301 and 4429-4299. Those are likely descendants of Bell Beakers, though it must be determined.

Thus, the question remains: where did bearers of R1b-Z2103 migrate from Yamnaya? It would appear, not to Central and Western Europe¹². Tables 1 and 2 show some data, taken from FTDNA and YFull data bases. Percentages as referred to as a fraction of present-day R1b bearers (FTDNA), numbers on the right referred to entries (YFull) where subclades were identified.

Table 1. Data from the FTDNA European projects, available in open access in the format FTDNA <country>. n/a – data are not reported in the database.

Country/region (entries)	R1b, per cent of all haplogroups	R1b-P312, per cent of R1b entries	R1b-U106, per cent of R1b entries	R1b-Z2103, per cent of R1b entries
France (2546)	68	n/a	n/a	0.35
France (228)	59	n/a	n/a	0
Belgium (318)	66	48	12	0.47
Netherlands (523)	47	30	17	0.40
Benelux (392)	63	37	38	1.2
Iberia (2567)	54	n/a	n/a	0.07
British Isles (2232)	70	n/a	n/a	0
British Isles (4854)	67	n/a	n/a	0

The last two sets are available in FTDNA Projects only as “British Isles DNA Project”¹³ that combines England, Ireland, Scotland, and Wales. Out of total 4854 entries (including the preceding 2232 results, published separately in the Project) there were 3235 R1b results, that is 67% of all, and among them there was not a single R1b-Z2103, “Yamnaya”-related entry.

Table 2. Data from YFull, number of entries^{10,14}

Country/region	R1b	R1b-P312	R1b-U106	R1b-Z2103
France	189	158	23	8
Belgium	35	26	8	1
Netherlands	63	30	32	1
Germany	246	119	92	18
Poland	104	37	41	17
Spain	158	144	10	4
Portugal	195	177	13	5
England	379	245	122	12
Ireland	466	432	29	5
Scotland	373	318	54	1
Wales	36	34	2	0

As one can see, both present-day Central and Western Europe do not show any significant amounts of R1b-Z2103, “Yamnaya”, or “steppe”-related descendants. Their amount among total R1b bearers in Europe consists of a

fraction or at best low percentages. This is inconsistent with a hypothesis that Yamnaya bearers moved to Bronze Age Europe and consequently, brought with them Indo-European languages, and are ancestors of most of European men. A suggestion spelled out in the Haak et al. paper¹ “*R1a and R1b are the most common haplogroups in many European populations today, and our results suggest that they spread into Europe from the East after 3,000 BC*” is principally incorrect (at least regarding R1b haplogroup), because the authors should have considered “branches”, or subclades, or SNPs of the haplogroups. We do not consider here migrations of R1a bearers in Bronze Age Europe (and Asia), it is a matter of separate studies.

Hence, the question arises: where the Yamnaya R1b-Z2103 people went, if not to Central and Western Europe? The answer becomes rather obvious, as soon as we look at present-day distributions of Z2103 (the most detailed pattern is provided by YFull, which publishes “deep” SNPs all around the world).

Table 3. Data from the FTDNA Armenian and Turkey projects^{15,16}

Country/region (entries)	R1b, per cent of all haplogroups	R1b-P312, per cent of R1b entries	R1b-U106, per cent of R1b entries	R1b-Z2103, per cent of R1b entries
Armenia (1338)	27	6	0	88
Turkey (325)	22	n/a	n/a	56

Table 4. Data from YFull, number of entries^{10,14}

Country/region	R1b	R1b-P312	R1b-U106	R1b-Z2103
Armenia	85	15	0	70
Turkey	73	11	4	57

R1b-Z2103 migrated South of Yamnaya, to the Caucasus, and further to Anatolia and neighboring regions. The available data¹⁴ include 74 countries, of which Europe, as it was shown above, reveals insignificant amounts of “Yamnaya” subclade. In that regard, the most represented present-day countries are Armenia and Turkey, where 70 and 57 of R1b-Z2103 entries were identified¹⁴, respectively, compared to singular (typically) numbers for European countries (see above), or to Russia (26 entries), Ukraine (17), and some countries in the Caucasus, such as Chechen Republic (9), Georgia (7), etc. It may be noticed that several regions to South of Armenia and Turkey also

reveals R1b-Z2103 entries¹⁴, such as Saudi Arabia (31), Kuwait (20), Iraq (11), UAE (7), Bahrein (5), Lebanon (4), Qatar (3), Yemen (3), Syria (3), etc.

Those observations are additionally reinforced by calculations of the TMRCA (Time to the Most Recent Common Ancestors) employing series of the present-day haplotypes¹⁷⁻¹⁹ of Z2103 subclade, which for Russia yields 4580±500 ybp (37 marker haplotypes) and 5010±660 ybp (less accurate calculations employing 12 marker haplotypes); for Armenia 4730±480 ybp (67 marker haplotypes), 4670±475 ybp (37 marker) and 5050±580 ybp (12 marker). All TMRCA values are compatible with archaeological dates for Yamnaya horizon (5300-4600 ybp). A combined series of present-day R1b-Z2103 haplotypes from Kuwait, Bahrein, UAE, Saudi Arabia, Yemen, Iraq, Syria, Jordan, Lebanon, and Palestine (69 haplotypes total in the 37-marker format) yields the TMRCA value of 4480±470 ybp, also within error margin of dates for Yamnaya horizon. A combined dataset of present-day Z2103 haplotypes from France, Belgium, Netherlands, Spain, Italy (32 haplotypes total in the 37-marker format) yields the TMRCA value of 3970±440 ybp, close to the Yamnaya dates, albeit slightly less. However, rather scarce representation of R1b-Z2103 results in Europe compared to those in the South of Asia provides a serious argument against the major migration of Yamnaya settlers to Europe. This is also illustrated with results of ancient DNA samples. Of more than one thousand ancient DNA samples excavated in Europe, only few of them belong to R1b-Z2103 and its downstream subclades - two were found in Italy^{14,20}, one in Bohemia^{21,22}, one in Czech Hallstatt²², two in Serbia^{14,22}, one in France²², one in the Netherlands²², one in Hungary²². Some of them are archaeologically dated rather recently, such as in Italy 650-850 ybp and 1740 ybp, in Poland 1400±390 BCE, in Czech 800-550 BCE, in Hungary 296 BCE, in West of Poland 170 BCE. Many more ancient R1b-Z2103 were found to the East - in Yamnaya and Afanasievo archaeological cultures, in the Altay and Xinjiang, in Iran, Kazakhstan, among Scythians and Sarmatians^{9,14,23}, and, as it was shown above, mainly in the Caucasus, Anatolia, in the Middle East. This pattern is not compatible with the concept of "massive migration from the steppe" to Europe.

1. Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N. et al. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207-215 (2015).
2. Gimbutas, M. The Indo-Europeans: archaeological problems. *Amer. Anthropologist* 65, 815-836 (1963).
3. Gimbutas, M. The beginning of the Bronze Age in Europe and the Indo-Europeans 3500-2500 B.C. *J. Indo-Eur. Studies*. 1, 163-214 (1973).
4. Gimbutas, M. The three waves of Kurgan people into Old Europe, 4500-2500 B.C. *Arch. Suisses d'anthropologie General* 43, 113-137 (1979).
5. Renfrew, C. *Archaeology and Language: The Puzzle of Indo-European Origins* (Jonathan Cape, London) (1987).

6. Renfrew, C. Time Depth in Historical Linguistics (eds. Renfrew, C., McMahon, A. & Trask, L.), The McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, UK, 413-439 (2000).
7. https://scholar.google.com/scholar?hl=en&as_sdt=40000007&q=Haak&btnG=.
8. Allentoft, M.E., Sikora, M., Sjögren, K.G. et al. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522, 167-172 (2015).
9. Mathieson, I., Lazaridis, I., Rohland, N. et al. Genome-wide patterns of selection in 230 ancient Eurasians. *Nature* 528, 499-503 (2015).
10. <https://www.yfull.com/tree/R1b/>
11. <https://isogg.org/tree/index.html>
12. Klyosov, A.A. Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup R1b, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. *Adv. Anthropol.* 2, 87-105 (2012)
13. <https://www.familytreedna.com/public/britishisles/default.aspx?section=yresults>
14. <https://www.yfull.com/tree/R-Z2103/>
15. <https://www.familytreedna.com/public/ArmeniaDNAProject?iframe=yresults>
16. <https://www.familytreedna.com/public/turkey?iframe=yresults>
17. Klyosov, A.A. A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Hum. Genet.* (2009) doi: 10.1007/s00439-009-0739-1.
18. Klyosov, A.A. & Kilin, V.V. Kilin-Klyosov TMRCA calculator for time spans up to millions of years. *Adv. Anthropol.* 6, 51-71 (2016).
19. Klyosov, A.A. DNA Genealogy (Scientific Research Publishing, ISBN: 978-1-61896-615-5), 2018.
20. Posth, C., Zaro, V., Spyrou, M.A. et al. The origin and legacy of the Etruscans through a 2000-year archeogenomic time transect. *Science Advances* 7 (39), doi: 10.1126/sciadv.abi7673 (2021).
21. Papac, L., Ernee, M, Dobeš, M. at al. Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe. *Science Advances* 7 (35) 2021, doi: 10.1126/sciadv.abi6941.
22. Patterson, N., Isakov, M., Booth, T. et al. Large-scale migration into Britain during the Middle to Late Bronze Age. *Nature* 601, 588-594 (2022).
23. Unterländer, M., Palstra, F., Lazaridis, I. Ancestry and demography and descendants of Iron Age nomads of the Eurasian Steppe. *Nat Commun.* 8:14615. doi: 10.1038/ncomms14615.

Базы данных гаплотипов по гаплогруппам Y-хромосомы

Собрал Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Приведены ссылки на базы данных гаплотипов по гаплогруппам Y-хромосомы, общим числом 165 баз данных. Они подразделяются на базы данных по гаплогруппам/субкладам (107 баз данных), и на базы данных по этничности, странам или территориям/регионам (58 баз данных). Приведены ссылки на список гаплотипов, и на «титальный лист» (в большинстве случаев) базы данных с пояснениями

1. Y-Haplogroup A Project

https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A?iframe=yresults
<https://www.familytreedna.com/groups/haplogroup-a/about/background>

2. The African DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/African.DNAProject?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/african-dna-project/about/background>

3. Y-Haplogroup B Project

<https://www.familytreedna.com/public/BYDNA?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/bydna/about/background>

4. Y-Haplogroup C Project

<https://www.familytreedna.com/public/Chaplogroup?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/chaplogroup/about/background>
<https://sites.google.com/site/haplogroupcproject/> (общее описание гаплогруппы)

5. Y-Haplogroup D Project

<https://www.familytreedna.com/public/Dhaplogroup?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/dhaplogroup/about/background>

6. Y-Haplogroup E1a Project

<https://www.familytreedna.com/public/HaplogroupE1andE?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/haplogroup-e-1and-e/about/background>

7. Y-Haplogroup E1b1a Project

<https://www.familytreedna.com/public/E1b1a?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/e-1b-1a/about/background>

8. Arabian Y-Haplogroup E1b1 Project

<https://www.familytreedna.com/public/E1b1arabia?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/e-1b-1arabia/about/background>

9. Y-Haplogroup E-M35 Project

<https://www.familytreedna.com/public/E3b?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/e3b/about/background>

https://docs.google.com/spreadsheets/d/1N8hGBDpJ2o114epyVKzSkkAI_n9Elp7muzVyUG9fPL4Y/edit?hl=en_US&hl=en_US#gid=12 (Общее описание гаплогруппы)

10. Y-Haplogroup F Project

<https://www.familytreedna.com/public/F-YDNA?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/f-ydna/about/background>

11. Y-Haplogroup G-L497 Project

[FamilyTreeDNA - Haplogroup G-L497 Y-DNA Project](#)

<https://www.familytreedna.com/groups/g-ydna/about>

12. Y-Haplogroup H Project

<https://www.familytreedna.com/public/YHaploGroupH?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/y-haplo-group-h/about/background>

13. Y-Haplogroup I-M170 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/haplogroup-iydna/about/background>

14.Y-Haplogroup I1 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/y-dna-i1/about/background>

15.Y-Haplogroup I1d-L22 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1d?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-1d/about/background>

16.Y-Haplogroup I1>Z63 and I1>Z59 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/2121/about/background>

17. Y-Haplogroup I1a-L205 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1dL205?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-1d-l205/about/background>

18.Y-Haplogroup I1-L1302 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1-L1302?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i1-l1302/about/background>

19.Y-Haplogroup I1-Z140 Project

<https://www.familytreedna.com/public/Z140?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/z140/about/background>

20.Y-Haplogroup I1a-P109 Project

https://www.familytreedna.com/public/yDNA_I-P109?iframe=yresults
<https://www.familytreedna.com/groups/y-dna-i-p109/about/background>

21.Y-Haplogroup I1-L300 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1-L300Subclades?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i1-l300-subclades/about>

22.Y-Haplogroup I1a2-L1248 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I-L1248?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-l1248/about>

23. Y-Haplogroup I1-Eastern and Central Europe Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1-EE?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i1-ee/about/background>

24.Y-Haplogroup I2a Project

<https://www.familytreedna.com/public/I2aHapGroup?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-2a-hap-group/about/background>

25.Y-Haplogroup I2a1b2a-L38 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I2b2?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-2b-2/about/background>

26. Y-Haplogroup I2b-L415 and I2a2-L596 Project

<https://www.familytreedna.com/public/I2nosubcladeM170P215?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i-2nosubclade-m170p215/about/background>

27. Y-Haplogroup I2a-L161 (I2a-Isles) Project

<https://www.familytreedna.com/groups/i-2a-l161/about/background>

28.Y-Haplogroup I2a1b1-M223 Project

<https://www.familytreedna.com/public/M223-Y-Clan?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/m223-y-clan/about/background>

29.Y-Haplogroup J-M304 Project

https://www.familytreedna.com/public/Y-DNA_J?iframe=yresults
<https://www.familytreedna.com/groups/y-dna-j/about/background>

30.Y-Haplogroup J-56 DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/J-P56?iframe=yresults>

31.Y-Haplogroup J1 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J-M267?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-m267/about/background>

32.Y-Haplogroup Hashem & Y-DNA Cousins Project (J1a2 FGC8712 & L862)

<https://www.familytreedna.com/public/j1e1147?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-1e1-147/about/background>

33. Y-Haplogroup J1-YSC0000076 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J-YSC0000076?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-ysc0000076/about/background>

34.Y-Haplogroup J1-L817 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J1-L817?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j1-l817/about>

35.Y-Haplogroup J2-M172 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J2-M172?iframe=yresults>
https://www.familytreedna.com/public/J2-M172/default.aspx?section=yresults&utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=%5bTIMESTAMP%5d&gclid=Cj0KCQiA1sucBhDgARIsAFoytUs2TEIBNHqpVmZbzLLVWRYocdIYYoroBvIOObktwAw-7IfLGDFjFvMaAkLGEALw_wcB
https://www.familytreedna.com/groups/j2-m172/about/background?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=%5bTIMESTAMP%5d&gclid=Cj0KCQiA1sucBhDgARIsAFoytUujtVbtvk_QfGVf1su1_cv9aAILZMmTukonNoxZqZmis74I67gSMAAqiTEALw_wcB

36.Y-Haplogroup J2a-L24 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J-L24-Y-DNA?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-l24-y-dna/about/background>

37.Y-Haplogroup J2a-PF5197 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J2a-PF5197?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-2a-pf5197/about/background>

38.Y-Haplogroup J2a-M67 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J2a4b?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-2a-4b/about/background>

39.Y-Haplogroup J2a-M319 Project

<https://www.familytreedna.com/public/J-M319?iframe=yresults>
https://www.familytreedna.com/groups/jm319/about/background?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=%5bTIMESTAMP%5d&gclid=Cj0KCQiA1sucBhDgARIsAFoytUv5aAjXT-xijXBC4LGRTRRcjheLmF9Ro02R2kJ5KAwu06lCtJJ9_IaAgXGEALw_wcB

40.Y-Haplogroup J2b-M102 Project

<https://www.familytreedna.com/public/m102?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/m-102/about/background>

41.Y-Haplogroup L Project

<https://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-L?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/y-haplogroup-l/about/background>

42.Y-Haplogroup T Project

<https://www.familytreedna.com/public/T-YDNA-Haplogroup?iframe=yresults>
[https://www.familytreedna.com/groups/t-ydna-haplogroup/dna-results?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=\[TIMESTAMP\]&gclid=CjwKCAiA-dCcBhBQEiwAeWidtfvFtuqY1Sb2lfv9OHmwTJWBEWCFr2SIscOr4JOQW85mkAmMY7owvhoCwkcQAvD_BwE](https://www.familytreedna.com/groups/t-ydna-haplogroup/dna-results?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=[TIMESTAMP]&gclid=CjwKCAiA-dCcBhBQEiwAeWidtfvFtuqY1Sb2lfv9OHmwTJWBEWCFr2SIscOr4JOQW85mkAmMY7owvhoCwkcQAvD_BwE)

43.Y-Haplogroup N North Eurasia Project

<https://www.familytreedna.com/public/N%20Russia%20%20DNA%20Project?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/n-russia-dna-project/about/background>

44.Y-Haplogroup N Project

<https://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project?iframe=yresults>

45.Y-Haplogroup N1a1 Project

<https://www.familytreedna.com/public/N1c1?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/n-1c-1/about/background>

46.Y-Haplogroup O Project

<https://www.familytreedna.com/public/o3?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/o-3/about/background>

47.Y-Haplogroup Q-M242 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/y-dna-q/about/background>

48.Y-Haplogroup American Indian Q1b-M3 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/amerind-y/about/background>

49.Y-Haplogroup R1a Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1a?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1a/about/background>

50.Y-Haplogroup R1a and All Subclades

<https://www.familytreedna.com/groups/r-1a-y-haplogroup/about/background>

51.Y-Haplogroup R1a-L176.1 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1a1a1h?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1a-1a-1h/about/background>

52.Y-Haplogroup R1a Walk Through the DNA (Big Y Tested) Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1a%20Walk%20Thru%20the%20Y?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1a-walk-thru-the-y/dna-results>

53.Y-Haplogroup R1a-YP4141 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1Asterisk?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r1ayp4141/about/background>

54. Y-Haplogroup R1b All Subclades Project

<https://www.familytreedna.com/public/r1b?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b/about/background>

55. Y-Haplogroup R1b-DF63 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-DF63?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-df63/about/background>

56. Y-Haplogroup R1b-DF49 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-DF49?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-df49/about/background>

57. Y-Haplogroup R1b-DF27 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-DF27?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-df27/about/background>

58. Y-Haplogroup R1b-L238 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-L238?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-l238/about/background>

59. Y-Haplogroup R1b-L513 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-L513?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1513/about/background>

60. Y-Haplogroup R-Arabia Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Arabia?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-arabia/about/background>

61. Y-Haplogroup R1b-DYS464X Project

<https://www.familytreedna.com/public/DYS464X=15.3g?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/dys464x-15-3g/about/background>

62. Y-Haplogroup R1b-BY168 Project

https://www.familytreedna.com/public/r1b_41_1123?iframe=yresults

<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-by168/about/background>

63.Y-Haplogroup Jewish R1b Project

<https://www.familytreedna.com/public/JewishR1b?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/jewish-r1b/about/background>

64.Y-Haplogroup R1b Basal Subclades (Z2103, V88, M73, V1636, etc.) Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1bBasalSubclades?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-basal-subclades/about>

65. Y-Haplogroup R1b Iberian Project

<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-1b-2-iberico/about/background>

66.Y-Haplogroup R1b-S1194 Project

<https://www.familytreedna.com/public/DF100-CTS4528-L11-P310-L151-P311?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/df100-cts4528-111-p310-1151-p311/about/background>

67.Y-Haplogroup R1b-S14328 Project

<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-s14328-genealogy/about>

68. Y-Haplogroup R1b-U106 Project

<https://www.familytreedna.com/public/U106?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/u106/about/background>

69.Y-Haplogroup R1b-U106xL48 WTY Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-U106xL48WTY?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/r-u10-6x-l48wt/about/background>

70.Y-Haplogroup R1b-U198 Project

<https://www.familytreedna.com/public/U198?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/u198/about/background>

71. Y-Haplogroup R1b-P89.2 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-P89.2?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-p89-2/about/background>

72. Y-Haplogroup R1b-Z18 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Z18?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-z18/about/background>

73. Y-Haplogroup R1b-P312 Project

<https://www.familytreedna.com/public/atlantic-r1b1c?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-p312/about/background>

74. Y-Haplogroup R1b-P312-M153 (The Basque Marker) Project

https://www.familytreedna.com/public/R-M153_The_Basque_Marker?iframe=yresults
<https://www.familytreedna.com/groups/r-m153-the-basque-marker/about/background>

75. Y-Haplogroup R1b-SRY2627/Z198/L176 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b1c6?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-1c-6/about/background>

76. Y-Haplogroup R1b-L165 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-L165Project?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l165-project/about/background>

77. Y-Haplogroup R1b-U152 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-U152?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-u152/about/background>

78. Y-Haplogroup R1b-L21, Z290 and Subclades Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-L21?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l21/about/background>

79. Y-Haplogroup R1b-L21 WTY (Walk Through Y-DNA) Project

<https://www.familytreedna.com/public/RL21WTY2009?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l21/wty2009/about/background>

80. Y-Haplogroup R1b-L371 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-17-14-10?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l371/about/background>

81. Y-Haplogroup R1b-L21 MacWho Project

<https://www.familytreedna.com/public/MacWho?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/mac-who/about/background>

82. Y-Haplogroup R1b-L1314 and L1315 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-L1314?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/collingscollinsofdevonandstokescounty/about/background>

83. Y-Haplogroup R1b-M222 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b1c7?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-1c-7/about/background>

84. Y-Haplogroup R1b-PF1169 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-PF1169?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-pf1169/about/background>

85. Y-Haplogroup R1b-FGC11134 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-FGC11134?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-fgc11134/about/background>

86. Y-Haplogroup R1b-CTS4466 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-CTS4466Plus?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-cts4466-plus/about/background>

87.Y-Haplogroup R1b-RL21-4466 South Irish Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-L21SouthIrish?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l21-south-irish/about/background>

88. Y-Haplogroup R1b-Z255 Project

[FamilyTreeDNA - R-Z255 and Subclades Project](#)
<https://www.familytreedna.com/groups/r1b-l159-2/about/background>

89.Y-Haplogroup R1b-Z253 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Z253?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-z253/about/background>

90.Y-Haplogroup R1b-L554 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-L554?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l554/about>

91.Y-Haplogroup R1b-L226 Irish Type III Cluster Project

https://www.familytreedna.com/public/R-L226_Project?iframe=yresults
<https://www.familytreedna.com/groups/r-l226-project/about/background>

92.Y-Haplogroup R1b-DF21Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-DF21?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-df21/about/background>

93.Y-Haplogroup Habsburg and R1b-DF90 Project

<https://www.familytreedna.com/public/habsburgfamilyproject?iframe=yresults>
[https://www.familytreedna.com/groups/habsburgfamilyproject/about/background?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=\[TI](https://www.familytreedna.com/groups/habsburgfamilyproject/about/background?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=[TI)

[MESTAMP\]&gclid=Cj0KCQiAnNacBhDvARIsABnDa6_xXQvdFZoMdF2SKGW-nHkzZI3jbp22lAILI4u0mf50LxghdBs8WC0aAqiAEALw_wcB](https://www.familytreedna.com/public/MESTAMP?gclid=Cj0KCQiAnNacBhDvARIsABnDa6_xXQvdFZoMdF2SKGW-nHkzZI3jbp22lAILI4u0mf50LxghdBs8WC0aAqiAEALw_wcB)

94.Y-Haplogroup R1b-P314 (Z16526) Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Z16526-and-Subclades?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-z16526-and-subclades/about>

95.Y-Haplogroup R1b-DF41 (CTS2501) Project

<https://www.familytreedna.com/public/r-df41?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-df-41/about/background>

96.Y-Haplogroup R1b-Z251 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Z251?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-z251/about/background>

97.Y-Haplogroup R1b-FGC13899 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-A241?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-a241/about/background>

98.Y-Haplogroup R1b-L1335 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-L1335?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-11335/about/background>

99.Y-Haplogroup R1b-FGC5494 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-FGC5494?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-fgc5494/about/background>

100. Y-Haplogroup R1b-S1051 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-S1051?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-s1051/about/background>

101. Y-Haplogroup R1b-S1026 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-S1026?iframe=yresults>

<https://www.familytreedna.com/groups/r-s1026/about/background>

102. Y-Haplogroup R1b-Z16500 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R-Z16500?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-z16500/about/background>

103. Y-Haplogroup R1b-CTS3386 Project

<https://www.familytreedna.com/public/R1b-CTS3386?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r-1b-cts3386/about>

104. Y-Haplogroup R2 and All Subclades Project

<https://www.familytreedna.com/public/R2?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r2/about/background>

105. Y-Haplogroup R2-M124 WTY Project

<https://www.familytreedna.com/public/R2-M124-WTY?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/r2-m124-wty/about/background>

106. Jewish R2-M124 Project

<https://www.familytreedna.com/public/JewishR-M124/default.aspx?section=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/jewish-r-m124/about/background>

107. Y-Haplogroup the Null DYS448 Project

<https://www.familytreedna.com/public/null448?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/null-448/about/background>

108. Y-Haplogroup Russia DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/russiadna/default.aspx?section=yresults>

109. Y-Haplogroup Pontic and Anatolian Greeks Project

<https://www.familytreedna.com/public/russiangureks?iframe=yresults>

110. Y-Haplogroups Sweden DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Sweden?iframe=yresults>

https://www.familytreedna.com/groups/sweden/dna-results?utm_source=google-ads&utm_campaign=Dynamic+Search&utm_agid=129007779003&utm_term=&creative=559039110895&device=c&placement=&gclid=CjwKC_Ajwy_aUBhACEiwA2IHHQOemeN9gygwpkLGX-39WKt5_A9OjLkjjxwNEy81iujEz7umRW3UNohoC2LYQAvD_BwE

111. Y-Haplogroup Iberian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/I1Iberico?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/i1-iberico/about/background>

112. Y-Haplogroup Rurikid Dynasty DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/rurikid?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/rurikid/about/background>

113. Y-Haplogroup Ossetian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Ossetian?iframe=yresults>

114. Y-Haplogroup Polish DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/polish?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/polish/about/background>

115. Y-Haplogroup Tatarstan DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Tatarstan/default.aspx?section=yresults>

116. Y-Haplogroup Ukraine DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/ukraine?iframe=yresults>

117. Y-Haplogroup Bashkir and Suyun Soraman DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/suyun?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/suyun/about/background>

118. Y-Haplogroup Chuvashia DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/chuvashia?iframe=yresults>

119. Y-Haplogroup Chechen-Noahcho DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/chechen-noahcho/default.aspx?section=yresults>

120. Y-Haplogroup Armenian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/ArmeniaDNAProject?iframe=yresults>

121. Y-Haplogroup Dagestan DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/dagestan?iframe=yresults>

122. Y-Haplogroup Erzya-Moksha DNA Project

<https://www.familytreedna.com/groups/erzya-moksha-dna-project/dna-results>

<https://www.familytreedna.com/groups/erzya-moksha-dna-project/about/background>

123. Y-Haplogroup Kazakh DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/alah/default.aspx?section=yresults>

124. Y-Haplogroup Azerbaijan DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Azerbaijan/default.aspx?section=yresults>

125. Y-Haplogroup Udmurt and Beserman DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/UdmurtandBeserman?iframe=yresults>

126. Y-Haplogroup Uralic (Finno-Ugric-Samoedic) DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA/default.aspx?section=yresults>

127. Y-Haplogroup Adyghe DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Adyghe/default.aspx?section=yresults>

128. Y-Haplogroup Circassian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/UbykhSochi?iframe=yresults>

129. Y-Haplogroup Caucasus DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Caucasus/default.aspx?section=yresults>
130. Y-Haplogroup Mongolian DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/mongol/default.aspx?section=yresults>
131. Y-Haplogroup Ingush DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Ingush/default.aspx?section=yresults>
132. Y-Haplogroup Uzbek DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/uzbek?iframe=yresults>
133. Y-Haplogroup Karachay-Balkar DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA/default.aspx?section=yresults>
134. Y-Haplogroup Pamiri DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Pamiri?iframe=yresults>
135. Y-Haplogroup Georgian DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Georgia?iframe=yresults>
136. Y-Haplogroup Hebrew DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Hebrew?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/hebrew/about/background>
137. Y-Haplogroup Sephardic Heritage DNA Project
https://www.familytreedna.com/public/sephardic_heritage/default.aspx?section=yresults
138. Y-Haplogroup Korea DNA Project
https://www.familytreedna.com/public/Korea_DNA?iframe=yresults
139. Y-Haplogroup Turkey DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/turkey?iframe=yresults>

140. Y-Haplogroup Kirgiz DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/kirgiz/default.aspx?section=yresults>

141. Y-Haplogroup Greek DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Greece?iframe=yresults>

142. Y-Haplogroup Lithuania DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/LithuanianDNA?iframe=yresults>

143. Y-Haplogroup Latvia DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Latvia?iframe=yresults>

144. Y-Haplogroup Estonia DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Estonia?iframe=yresults>

145. Y-Haplogroup China DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/China?iframe=yresults>

146. Y-Haplogroup Bulgarian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/bulgariandna?iframe=yresults>

147. Y-Haplogroup Finland DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=yresults>

148. Y-Haplogroup South-East Asia DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/SE%20ASIA?iframe=yresults>

149. Y-Haplogroup Amerasians DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Amerasians?iframe=yresults>

150. Y-Haplogroup Abkhasian DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/AbkhazianDNAProject?iframe=yresults>

151. Y-Haplogroup Assyrian DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/AssyrianHeritageDNAProject?iframe=yresults>
152. Y-Haplogroup Middle East DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Middle-East?iframe=yresults>
153. Y-Haplogroup Families in British India Society DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/fibis?iframe=yresults>
https://www.familytreedna.com/groups/fibis/about?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=%5bTIMESTAMP%5d&gclid=CjwKCAiAv9ucBhBXEiwA6N8nYFZOhe3ETnqGyFx0YaMHacWgKZ9AZpJB3tdWPaddRokkEgh6VrFqZhoCZB0QAvD_BwE
154. Y-Haplogroup Indian Subcontinent DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/India?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/india/about/background>
155. Y-Haplogroup Iranian DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Iranian%20Y-DNA?iframe=yresults>
156. Y-Haplogroup Uighurs DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/uigurs/default.aspx?section=yresults>
157. Y-Haplogroup Serbian DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/SerbianDNAProject?iframe=yresults>
158. Y-Haplogroup Romania DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Romania?iframe=yresults>
159. Y-Haplogroup Quraysh & Banu-Hashem DNA Project
<https://www.familytreedna.com/public/Qurayishj1c3d?iframe=yresults>

https://www.familytreedna.com/groups/qurayishj-1c-3d/about/background?utm_source=AdTheorent&utm_medium=search&utm_term=%5bTIMESTAMP%5d&gclid=CjwKCAiAheacBhB8EiwAItVO29bl4Uv93a7_7x-WUKtq6H4K3ehqZV2ZrsBQ51JRUmyaZV-3FPeWdBoCblkQAvD_BwE

160. Y-Haplogroup Hashem & Y-DNA Cousins DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/j1el147?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/j-1el-147/about/background>

161. Project Al Hamdan Al Quraishiya and Their Cousins (R1a)

[عمومتهم وأبناء القرشية حمدان آل أسرة - FamilyTreeDNA](#)
[عمومتهم وأبناء يوسف بني أسرة - Background | FamilyTreeDNA](#)

162. Y-Haplogroup Pontic and Anatolian Greeks DNA Project

<https://www.familytreedna.com/groups/ponticandanatoliangreeksdna/about/background>

163. Clan Donald USA Project

<https://www.familytreedna.com/groups/mcdonald/about>

164. Iraq DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Iraq?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/iraq/about/background>

165. Afghan-Pakistani DNA Project

https://www.familytreedna.com/public/dna_afghan_pak/default.aspx?section=yresults

166. Flanders-Flemish DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Flanders?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/flanders/about/background>

167. Austria-Hungary DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Austria-Hungary?iframe=yresults>
<https://www.familytreedna.com/groups/austria-hungary/about>

168. Netherlands DNA Project

<https://www.familytreedna.com/public/Netherlands?iframe=yresults>

<https://www.familyreedna.com/groups/netherlands/about/background>

169. Albanian Bloodline Project

<https://www.familyreedna.com/public/AlbanianBloodlines?iframe=yresu>
[lts](https://www.familyreedna.com/public/AlbanianBloodlines?iframe=yresu)

<https://www.familyreedna.com/groups/albanian-bloodlines/dna-results>

Еще о «происхождении человека в Африке»

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

В конце мая 2023 года в журнале Nature вышла статья под названием «Слабо структурированный ствол происхождения человека в Африке». В авторах – всего семь человек: четверо американцев, один канадец и двое из Южной Африки. Это – необычно для статей в области популяционной генетики, но объяснение простое – в авторах нет Д. Райха (США) или И. Краузе (Германия), это они обычно набирают коллективы соавторов из многих десятков, а то и сотен человек, для них это как количество штыков в армиях прошлого – показывает мощь.

Понятно, что статья на такую тему вызовет шквал восхищения у «народных масс», вот давайте и разберемся, есть ли там предмет восхищения. У меня она вызвала чувство очередного разочарования, хотя работа авторами проведена большая – сама статья заняла 9 страниц (больше сейчас Nature не позволяет), к ней 67 страниц приложений, еще отзывы и замечания рецензентов с ответами авторов – 78 страниц. Самое ценное, наверное, это отзывы и замечания рецензентов, которые вскрывают упрятанные авторами «косяки» и плохо обоснованные (или вообще не обоснованные) положения.

Прежде чем начать разбор статьи, поделюсь тем, что у меня в первую очередь вызвало разочарование. **Во-первых**, вся статья строится на математическом и компьютерном моделировании, с определенными постулатами и допущениями. Зная, сколько попгенетики нагородили с такими моделированиями, понимаешь, что это – очередной вариант. Буквально все принципиальные ошибки попгенетиков – результат подобных «моделирований». Это и то, что ямники «массово ворвались в западную и центральную Европу, принеся туда индоевропейский язык», и то, что «культура шнуровой керамики вышла из ямной», и то, что «носители гаплогруппы R из поселения Мальта близ Байкала являются предками американских индейцев», и так далее. **Во-вторых**, авторы постулировали, что «выход из Африки» предков современных неафриканцев состоялся 50 тысяч лет назад. Вопрос – зачем было постулировать, а не рассчитать независимо? Далее, наиболее часто приводимая датировка «выхода» – 70 тыс лет назад. Почему не постулировали ее? Почему не постулировали, что не выходили вообще, что это изменило бы в результатах расчетов? Рецензенты круг за кругом пытались добиться ответов у авторов (последний вариант рецензенты не поднимали, как можно?), авторы уклонялись, и рецензенты шли на следующий круг. В итоге авторы признались, что если делать

независимый расчет, то получается, что люди вышли из Африки всего 35-40 тысяч лет назад, что не согласуется «с археологическими и генетическими данными». Стало понятнее, почему авторы не постулировали «выход» 70 тысяч лет назад, это давало плохую сходимость расчетных данных с другими расчетными данными, и в статье авторы об этом умолчали.

Тогда рецензенты пытались добиться, что это за «археологические и генетические данные», но добились только того, что авторы согласились добавить несколько ссылок «на эти данные», но что за данные, конкретно, так и не сказали. Насколько знаю, «археологические данные» - это те, которые показывали бы захоронения древних людей намного ранее 70, а то и 100 тысяч лет назад. «Генетические данные» - это вообще некий фантом, они «выход из Африки» вообще не показывают. В итоге авторы уговорили рецензентов, что оставят «выход» 50 тысяч лет назад, чтобы не ломать расчеты.

В-третьих, авторы использовали в расчетах полногеномные данные для 44 африканцев (койсанского) племени Nama из южной Африки, но не определили, или не показали их гаплогруппы и субклады, не говоря о гаплотипах. Если бы там оказались, например, гаплогруппы E1b, R1b или другие неафриканские, какие найдены у многих африканцев, то тогда ясно, что этих Nama нельзя включать в расчеты как «африканские ДНК», и расчеты изменились бы.

В-четвертых, авторы понимали (или знали), что эти 44 африканцы племени Nama образуют гетерогенную, неоднородную геномную систему, что и вызывает вопрос о том, почему не определили гаплогруппы-субклады, геном позволяет без труда это сделать. Но вместо этого авторы использовали в расчетах геномы из Великобритании для «моделирования» «колониальной примеси» в этих 44 геномах. Но почему «колониальной примеси» (или «примесности»), а не неафриканские гаплогруппы, которые опять же легко определяются.

В-пятых, авторы постулировали, что современный человек «зародился» в Африке. Они это не нашли, не вычислили, не обосновали, а просто постулировали. Разумеется, это предопределило результаты и выводы статьи.

Понятно, что при обнаружении этих принципиальных сбоев в постановке задачи и ее реализации, совершенно теряется доверие к надежности результатов статьи. Она становится обычной попгенетической статьей, в которой даже разбираться не хочется. Авторы старались «замотать» наиболее важные «косяки» в статье, и только упорство рецензентов, которые раз за разом повторяли свои вопросы и опять не получали ответов, позволяло понять, что у авторов проблемы,

которые они не решаются признавать. То, что попроще, они без труда исправляли или дополняли, на что и пошли десятки страниц описаний, что они исправили. Остальное опять «заматывали». В итоге рецензентов уломали.

Так что авторы показали, или хотели показать? Давайте на этом остановимся, понимая, что это в основном (или полностью) всего лишь результаты «заматывания». Будем смотреть на их описания как на очередную расчетную модель, которая зависит от «постулираний», приближений, допущений.

Начнем, что разумно, с Абстракта. В Абстракт помещают наиболее важные результаты и выводы статьи. В данном случае, как обычно среди попенетиков, половина Абстракта занято тем, что должно быть во Введении к статье – что есть «широкое согласие» о том, что *Homo sapiens* произошел в Африке, но что есть «значительная неопределенность, окружающая конкретные модели дивергенции и миграций по африканскому континенту», потому что мало данных об ископаемых остатках африканцев и соответствующих геномных данных, а также есть разнообразие в оценках времен дивергенции, то есть времен расхождения популяций. Понятно, что это не есть важнейшие результаты и выводы авторов, но попенетики необучаемы в этом отношении. Дальше указано, что для выбора из этих моделей (наиболее правильной), авторы использовали подход с изучением маркеров неравновесного сцепления (linkage disequilibrium) и статистику рассмотрения разнообразия, оптимизованную для комплексной демографии. Неравновесное сцепление выявляется тогда, когда аллели на различных локусах в определенной группе аллелей наблюдаются более часто, чем это предписано статистикой, их еще называют «ассоциированными». Их можно назвать «тандемными».

Понятно, что это тоже не важнейшие результаты и выводы, это просто описание известной методологии. Дальше идет описанное того, что авторы изучали «демографические модели для африканских популяций». Это тоже не результаты и не выводы, а мы уже на половине Абстракта. И вот первый результат статьи – что самая ранняя дивергенция (то есть расхождение) популяций произошло 120-135 тысяч лет назад, и ему предшествовали две или более слабо дифференцированные предковые популяции рода *Homo*, между которыми имел место поток генов в течение сотен тысяч лет. Авторы подчеркивают, что эта модель «слабо структурированного ствола» лучше объясняет развитие человека, чем «вклад от архаичных гомининов в Африке», то есть «модели архаичной интродукции». Помимо того, во Введении к статье авторы поясняют, что их модель предназначена для отказа от концепции «одного общего предка, который жил в Африке», что обычно отражают в виде «дерева», идущего от одного корня.

Далее в Абстракте авторы сообщают, что их модель «сосуществующих предковых популяций» должна приводить к ископаемым остаткам, которые трудно различимы в отношении генетики и морфологии, и что она привела к генетическим различиям между современными популяциями человека всего лишь на уровне 1-4%. Правда, добавим мы, из статьи неясно, в чем эти 1-4% различий в современных популяциях отражаются, различия между чем и чем? Абстракт заканчивается тем, что эта модель объясняет различия в предшествующих оценках времен дивергенции, является «ключевой» в понимании древней истории.

Не знаю, кого как, но меня эти выводы не впечатлили. Вся картина, создаваемая авторами, для меня лично совершенно не убедительна, и не только потому, что постулаты и приближения, вводимые авторами, не могут приводить к сколь-нибудь определенным расчетам, полученные числа будут «плавать» при изменении этих постулатов и приближений. Да даже если и нет, что крайне маловероятно. Что концептуально нового дают результаты авторов? Они постулировали, что человек «зародился» в Африке, и постулировали, что он оттуда «вышел» 50 тысяч лет назад. В это отношении ничего нового с предыдущими утверждениями попугенетиков нет, даже при том, что датировка «выхода» у них «гуляет» между 40 и 100 тысяч лет назад. Ни одна из этих датировок все равно не обоснована и не показана, как не обоснована и не показана предлагаемая датировка 50 тысяч лет назад. Что касается «слабо структурированного ствола» ДНК-эволюции человека, то что это реально дает, как и сообщаемое «генетическое различие в 1-4%» в современных людях – что за различие, в чем выражается, к чему конкретному приводит? Нет ответа, и понятно, почему нет – перед нами некая математическая абстракция, которая, вопреки заверениям авторов, ничего не дает в отношении «понимания древней истории», тем более «ключевого понимания».

Я, признаться, не понимаю, на что вообще рассчитывали авторы. Раньше попугенетики предлагали модель «архаичной интрогрессии», теперь – «слабо структурированный ствол», со «слабо дифференцированными предковыми популяциями». Это что, решение исторической загадки? Нет, очередная абстракция. Если бы авторы четко обосновали, с доказательствами, что человек действительно вышел из Африки, и когда именно, это был бы вклад в науку. Но математические модели никогда не дадут на это ответ, на одну модель всегда есть другая модель, с винтом.

Ну да ладно, посмотрим на статью дальше, может, там есть хоть какие данные, за которые можно зацепиться, и решить хоть какую историческую загадку. То, что авторы критичны по отношению к существующим концепциям происхождения человека, показывает и начало их статьи, в котором авторы пишут, что ископаемые остатки древних людей в Африке могут быть «тупиковыми», то есть вымершими ветвями человечества, и не быть предковыми для современных людей.

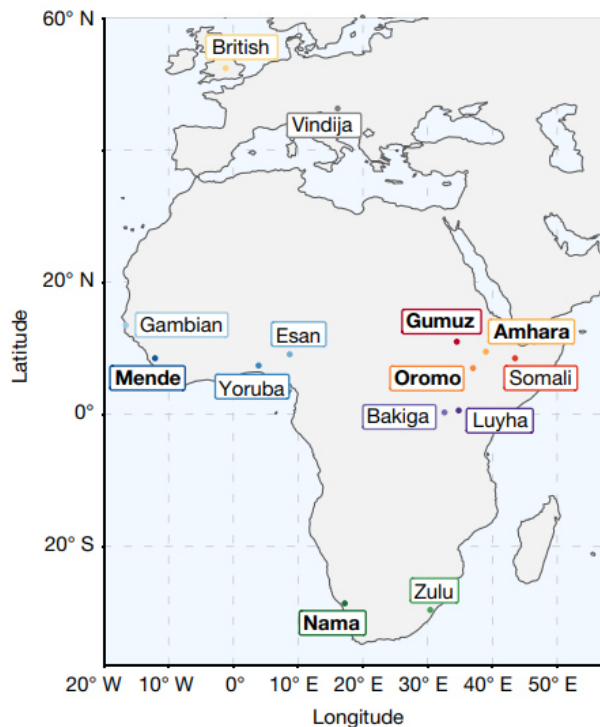
Мысль эта очевидна и неоднократно высказывалась в наших работах, но попугенетики это всегда обходили. Правда, непонятно, что это даст авторам в рамках предлагаемой ими «слабоструктурированной» модели. Читая статью, невозможно отделаться от мысли, что читателям «выдают» нечто, полученное в ходе компьютерных моделирований, причем авторы даже не задумываются о «физическом смысле» получаемых продуктов расчетов. Например, авторы рассчитали, что расхождение популяций восточноафриканцев и британцев (!) произошло 50 тысяч лет назад. Это и есть «время дивергенции». Почему именно британцев? А это авторы моделировали «колониальную примесь» британцев в Южной Африке. Правда, в итоге показали результаты с восточными африканцами, а не с южными, но какая разница, не так ли? В любом случае, расхождения с «британцами» просто не могло быть, но компьютер всё стерпит. Ему сказали рассчитать, он и рассчитал. После этого смотреть на все остальные расчетные показатели практически бесполезно. Как и на то, что племя Нама разошлось с «другими африканцами» в одной модели («продолжающихся миграций») 135 тысяч лет назад, в другой («модели слияния») 119 тысяч лет назад. Это что, племя Нама жило в полной изоляции от остальных африканцев 119-135 тысяч лет? Или, напротив, разошлось (дивергенция) с ними 119-135 тысяч лет назад, и больше не общались?

Другие числа-датировки в статье также представляются если не абстрактными, то какими-то неинформативными. Их можно двигать вверх-вниз, и смысл представляемой картины не изменится. Ну, «ствол 1» разошелся со «стволом 2» 1.2 миллиона лет назад, или 1.6 миллиона лет назад по другой модели, и что это дает? Никакой смысловой или исторической привязки все равно нет. Возможно, кто-то между предком шимпанзе и Хомо эректусом, а возможно и нет. Предки современных африканских племен расходились с друг другом кто 60 тысяч лет назад, кто 50 тысяч лет назад, но мы на самом деле не знаем, было это в Африке или нет, нет привязки к древним ДНК, а без этого имеем опять некую абстракцию.

После такого опыта «общения с расчетными числами» в статье я попытался продолжать читать, не обращая особого внимания на числа, по причине катастрофического к ним недоверия. Может, в качественном виде авторам удалось решить какие-то исторические загадки? Но, увы, этого тоже не было. Основные рассуждения авторов сводились к тому, что в более ранних исследованиях (популяционных) генетиков любые отклонения от расчетных моделей «одного общего предка» объясняли «примесностью архаичных гомининов», а в данном случае от такого объяснения ушли за счет «множественной параметризации» ранней истории человека. Как авторы отмечают, это близко к «мультирегионализму». Со своей стороны отметим, что концепция мультирегионализма была в моде несколько десятилетий назад, в

отличие от концепции «одного общего предка», потом от нее ушли, организовав мощную кампанию в научной и околонучной печати, и вот сейчас видим возвращение. На самом деле разницы между этими концепциями нет, потому что «мультирегионализм» может по сути происходить от одного общего предка, как зонтик от его ручки, или как грибница от одного корня.

Авторы, видимо, это понимая, высказались в разделе Дискуссия о том, что они не могут отвергнуть возможности более сложных моделей происхождения человека, включающих дополнительные «стволы», более сложные популяционные структуры, или гибридные модели, которые могут включать и «слабые структуры», и «примесности архаичных гомининов», которые еще лучше опишут статистические данные. В общем, на этом можно и подвести, выразив сожаление о том, что если бы авторы определили гаплогруппы-субклады, а лучше – и гаплотипы Y-хромосомы (еще лучше – и мтДНК) рассматриваемых в статье африканских племен, то картина их эволюции стала бы несравненно более ясной и без компьютерного моделирования. Но если очень хочется помоделировать, то эти данные представили бы несравненно лучшие основания для моделирования.



ДНК ЗАМЕЧАТЕЛЬНЫХ ЛЮДЕЙ

Предисловие редактора

Начиная с выпуска «Вестника» за октябрь 2021 года мы публикуем очерки из серии «ДНК замечательных людей». Большинство имен в этих очерках имеют всероссийскую известность, они в буквальном смысле знаменитости, другие имена менее известные широкой общественности, но тем не менее они принадлежат или принадлежали достойным людям, внесшим вклад в развитие страны в той или иной степени. Уже опубликованы очерки о И.С. Глазунове, И.А. Бунине, М.А. Шолохове, П.А. Флоренском, Г.К. Мосолове, В.М. Липунове, З. Прилепине, И.С. Хорвате, А.Н. Асауле, Г.С. Хижа, А.Н. Баширове, Ю.Г. Богатырёве, П.С. Яковлеве, Л.П. Грот, Е. Летове, Ф. Говердовском, Даниле Тионове, В.И. Кулакове, Г.А. Артамонове, П.А. Брычкове, древнем кривиче, В.А. Власове, Т.П. Лолаеве, Ю.С. Лузине, С.Д. Майнагашеве.

МАТВЕЙЧЕВ ОЛЕГ АНАТОЛЬЕВИЧ

Авторы статьи:

Меркулов Всеволод Игоревич,
Пайор Евгений Викторович



Матвейчев Олег Анатольевич (род. 1 февраля 1970) – философ, политолог и политический консультант, эксперт СМИ. Член Общественной Палаты г. Москвы. Член предвыборного президентского штаба В.В. Путина (2018). Победитель Всероссийского конкурса «Лидеры России. Политика» (2020).

ГАПЛОГРУППА: R1a-YP418

ВЕТВЬ: Центрально-европейская

Олег Анатольевич Матвейчев проследил генеалогию своих предков по прямой мужской линии до конца средневековья. Несколько столетий они проживали в селах Кажлейка и Ольгино Нижегородской области. Население этих мест звалось терюхане. Кто же это такие?

Терюхане – территориальное наименование, вроде москвичи или нижегородцы. Оно происходит от названия Терюшевской волости Нижегородского уезда (ныне Дальнеконстантиновский район Нижегородской области – тот самый, где расположены Кажлейка и Ольгино). В популярных справочниках также можно прочитать, что терюхане – это этнографическая группа мордвы-эрзя, но с некоторыми оговорками.

«...Терюхане очень рано вступили в тесные контакты с русскими, но крещены были только в середине XVIII века, позабыв к этому времени эрзянский язык, сохраняя, однако, самосознание. Также дохристианские черты имела материальная и духовная культура терюхан, в частности одежда, орнамент, отличающиеся от других групп мордвы. Календарные, свадебные и похоронные обряды сохраняли целый ряд магических действий».

Сведения очень уж противоречивые. С одной стороны, мордовское самосознание, а с другой – «позабытый» эрзянский язык, отличия от мордвы в одежде и орнаменте. Добавим к этому компактное проживание в 40 селениях Терюшевской волости – как будто имеем дело с каким-то обособленным населением.

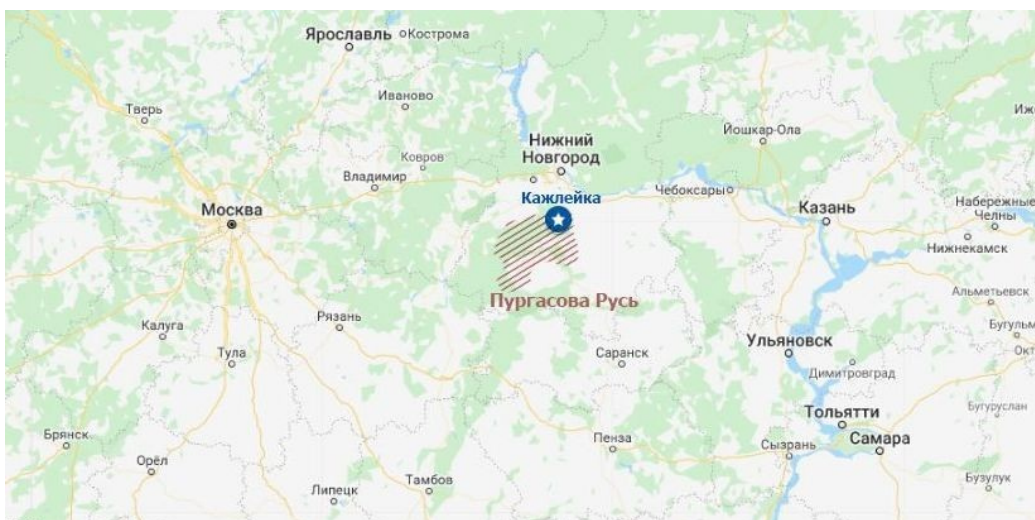
Мордва-Терюхане сохранились исключительно въ Нижегородскомъ уѣздѣ и занимають тамъ слѣдующія селенія:

Въ уѣздѣ Нижегородскомъ:

	№			жителей.					
	двор.	м.	ж.	двор.	м.	ж.			
Борисово	(96)	172	668	761	Касаниха	(174)	101	227	336
Криуша	(97)	72	195	247	Ложь	(175)	130	320	413
Вшивка	(124)	57	178	201	Слуха	(179)	121	338	396
Вышка	(127)	53	164	217	Романиха	(181)	169	437	497
Инютино	(129)	141	442	505	Теплое	(183)	124	336	351
Мирша	(143)	115	355	498	Винный майданъ	(184)	65	181	207
Зубаниха	(146)	49	151	191	Шониха	(185)	81	245	281
Лашиха	(166)	136	326	391	Мигалиха	(188)	138	382	424
Бѣлая (Поляна)	(168)	30	80	104	Надежино	(189)	25	76	92
Индеев	(169)	165	445	509	Арашиха	(190)	36	97	111
Борцово	(170)	141	358	471	Кажлейка	(192)	95	276	(299)
Берсениха	(171)	37	120	143	Кужадонь	(207)	92	280	259
Ольгина	(194)	64	144	173	Татарское	(218)	144	366	416
Суроватиха	(195)	148	343	426	Сескино малое	(219)	100	286	345
Курилово	(197)	65	241	250	Бакшеево	(220)	136	353	491
Тепелево	(198)	47	211	264	Терюшево	(222)	202	525	622
Поляна малая	(199)	48	166	176	Макраша	(229)	122	290	407
Сарадонъ	(200)	67	212	264	Терюшево малое	(230)	124	368	454
Поляна	(201)	70	218	250	Маргуши	(231)	72	242	258
Учеватиха	(202)	33	80	84	Березинки	(262)	64	181	213
Льготка	(203)	37	93	96	Итого	41	4133	11576	13741
Сескино большое	(205)	118	243	306					

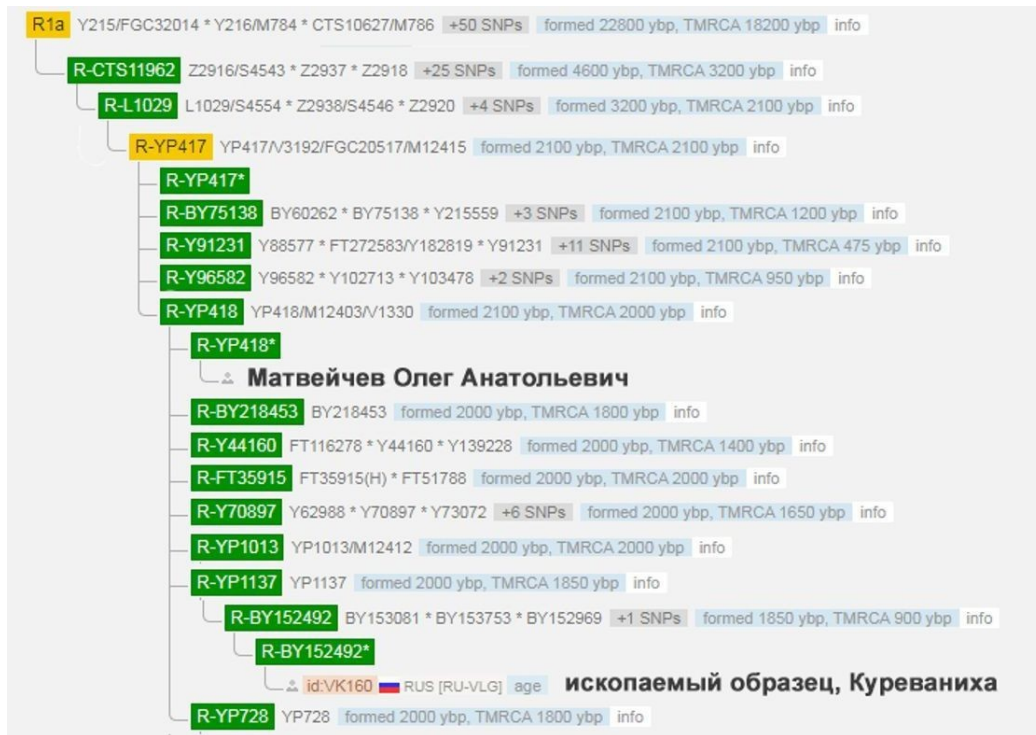
Путаницу усугубляют строки из Указа Синода в Нижегородскую губернскую канцелярию от 7 июля 1743 года, в котором рассказывается о посещении нижегородским епископом Терюшевской волости. Местные жители, говорится в документе, «называются мордвою ложно, понеже они мордвою никогда не бывали и мордовскаго языка не знали и не знают, а говорят так, как суздальския и ярославския мужики».

А тут ещё и антропология вмешалась. Антропологические типы терюхан исследовал доктор исторических наук В.К. Абрамов. Учёный был удивлён полученными результатами, из которых следовало, что терюхане существенно отличаются от всех соседних групп населения. Он заключил, что это заставляет увидеть проблему в их происхождении, намекая на существование «группы, историческую родину которой следует искать за пределами Поволжья». Другим важным предположением стала попытка связать терюхан с Пургасовой Русью...



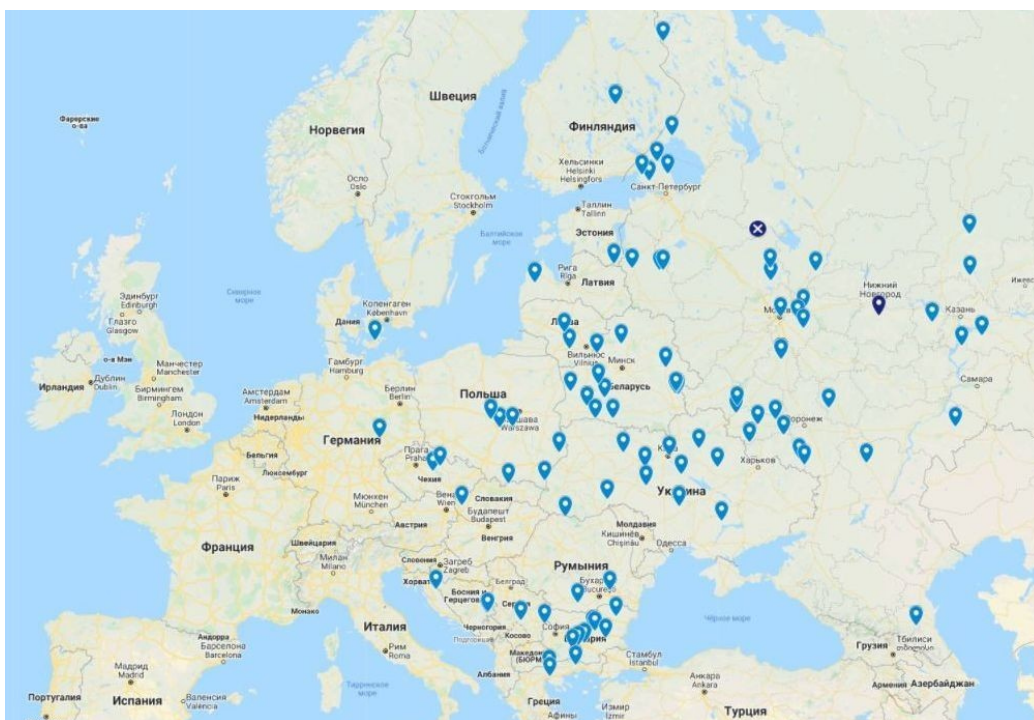
Да, возможно Вы ранее не слышали этого необычного названия. Тем не менее, Лаврентьевская летопись в связи с событиями XIII века упоминает «Пургасову волость в земле Мордовской» или «Пургасову Русь», названную так по имени местного правителя Пургаса. В остальном же – сплошная загадка. Есть ли какие-то независимые данные, чтобы внести ясность?

Результаты Y-хромосомного тестирования показали, что Олег Анатольевич Матвейчев относится к крупной центрально-европейской ветви R1a-L1029, к которой принадлежат многие русские, белорусы и украинцы – потомки восточных славян. Дополнительный углублённый анализ позволил выявить последовательную цепочку снип-мутаций: L1029 > YP417 > YP418.



То есть у одного из мужчин, носителей субклада L1029, около 2 тысяч лет назад в Y-хромосоме появилась мутация YP417, которую унаследовали все его прямые потомки. Где именно жил тот человек – мы не знаем. Но потомки сейчас проживают в Словакии, Украине, Беларуси и России. Наиболее успешной в генеалогическом отношении оказалась дочерняя ветвь YP417>YP418 – её представителей можно тоже встретить на традиционной территории расселения восточных славян. К этой ветви относится О.А. Матвейчев, чей род вышел из Терюшевской волости.

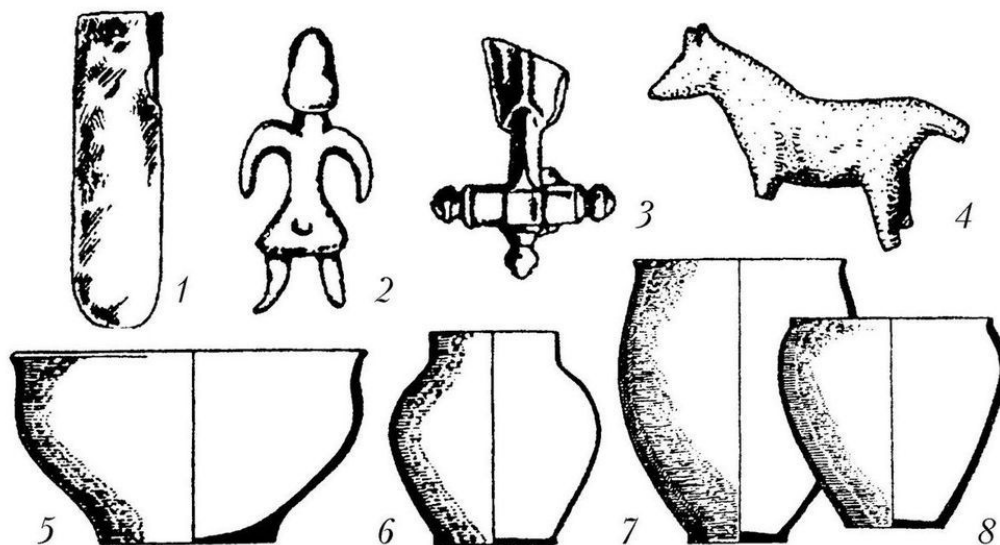
Карта современных носителей субклада YP417 практически в деталях совпадает с ареалом восточных славян. Из ископаемых образцов к этой ветви пока надёжно отнесён лишь единственный образец из захоронения XIII века Куреваниха-2 (Вологодская область). На карте он помечен белым крестом в синем круге.



Славянское присутствие в Среднем Поволжье известно с очень ранних времён. Археолог В.В. Седов связывал Пургасову Русь с потомками именьковской культуры, существовавшую на территории Среднего Поволжья в IV-VII веках. Это славянская культура, которая напрямую связана с волынцевской культурой – предками северян и вятичей. Считается, что именьковцы пришли в Поволжье из европейской части. ДНК-генеалогические данные по распространению субклада YР417 хорошо соотносятся с такой реконструкцией.

Академик Седов писал, что *«Русью могла именоваться какая-то значительная часть населения именьковской культуры»*. Он обращал внимание на наличие слабо изученного *«крупного островка памятников именьковской культуры в мордовских землях в бассейне Суры»*, который весьма возможно принять за *«Пургасову Русь»*. Это была какая-то ещё одна *«русская земля»*, не имевшая отношения ни к Киеву, ни к Владимиро-Суздальской земле.

На иллюстрации – находки из именьковской культуры: наконечник ремня (1), антропоморфная накладка (2), фибула (3), фигурка животного (4), образцы керамики (5-8).



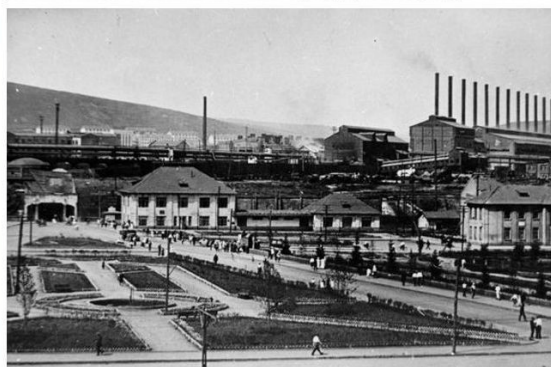
Некоторые авторы указывали на сходство терюхан с русским населением из окрестностей Ильменского озера. А это уже мостик к древним новгородцам. Кстати, ископаемый образец из Куреванихи – как будто тот же след.

Ближайший по геномным данным родственник Матвейчева сообщил, что его предки проживали в Карелии, которую активно осваивали новгородцы. Хотя родство не близкое. Расчёт на основе протяженных 111-маркерных гаплотипов показал дистанцию в 625 ± 300 лет до общего предка. По-видимому, в славянские времена он жил в северной части Руси. При этом в Скандинавии субклад Матвейчева не обнаружен.

А.А. Клёсов в книге «Народы России. ДНК-генеалогия» пишет, что эрзя – «уникальная народность, у которой наблюдается необычная комбинация основных по численности гаплогрупп – доля R1a составляет 54% и выше, то есть на уровне самых высоких, следующей по численности идет гаплогруппа J2 (13%) и далее гаплогруппа I1 (11%). Это – сочетание трех разных миграционных потоков с разных территорий. Гаплогруппа R1a у эрзя включает три основные ветви, характерные для Русской равнины в древности – Z280 (субклад Русской равнины), M458 (западославянский и центральноевропейский субклады) и Z93 (южноарийский субклад)».

Интересно, что имя Пургас на эрзянском языке означает «гром», что заставляет вспомнить древнерусского Перуна-громовержца. Да и земля его именуется в летописи славянским словом «волость». В таком виде Пургасова Русь имела добрососедские отношения с Волжской Булгарией и мордвой, воевала с владимирскими князьями. Обычное дело для средневековья.

После революции род Матвейчевых переселился в Сибирь. Дед Константин Иванович Матвейчев служил в военизированной охране Кузнецкого металлургического комбината. Но о малой родине всегда помнили.



Судя по всему, территория расселения терюхан действительно совпадала с Пургасовой волостью, а значит терюхане – исторические наследники Пургасовой Руси. Наш современник Олег Анатольевич Матвейчев – в их числе. Что же касается содружества терюхан с мордвой, то оно было тесным с давних времён. Теперь уже не различить.

ЭСТЕТИЧЕСКИЙ НОКАУТ

Предисловие редактора в 2022 гг.

В июньском (2019) выпуске Вестника был представлен писатель, поэт и философ, а по мнению ряда изданий – и ведущий парижский специалист по внутренней французской политике д-р Анатолий Ливри. Он пишет на многих языках, которыми свободно владеет, родился около полувека назад в Советском Союзе, но 30 лет назад уехал на Запад.

Его труды не имеют отношения (пока) к ДНК-генеалогии, но интересны с культурологической и политической точек зрения. Как и в случае ДНК-генеалогии, его работы встали поперек многих «общепринятых» мнений, которые порой формулировали провокаторы и с восторгом приняты середнячками. Эти середнячки на него дружно накинулись, но Анатолий Ливри держит удар. Интересно и познавательно проследить его информацию, точку зрения и аргументацию. В любом случае, это яркий полемист. Вестник Академии ДНК-генеалогии с удовольствием предоставляет ему трибуну.

Юденрат XXI-го века

Анатолий Ливри

„Aber sagt mir doch, meine Brüder:
wenn der Menschheit das Ziel noch fehlt,
fehlt da nicht auch – sie selber noch? –“
Nietzsche, *Also sprach Zarathustra*

Как мне не посвятить абзац пошлости, – пошлости, ставшей чудовищно знаменитой! – которую на меня выливают всякий раз, когда я показываю подноготную своих бывших коллег-русофобов из Сорбонны, а главное, когда я призываю белые народы Запада оставаться белыми народами Запада: «Господин Ливри, да вы – еврей антисемит!»

Так что давайте уж (ещё до того, как профессорский коллектив големов-плагиаторов опять не окатил меня из республиканского ушата своей застоявшейся пошлятиной) ответим на сей высоко интеллектуальный упрёк, который в просторечии ныне называется «ТП бинго». Во-первых, среди русофобов наблюдал я на факультетах русистики чистокровных русских, нередко крещённых. Есть промеж

<https://www.youtube.com/watch?v=93mGMp2KoU4>), и теша себя безумной надеждой, будто этот наш единоведец уберёжёт их от демографического молоха, сфабрикованного ими самими.

Подобный же культ суицидальной неадекватности фанатики французского Юденрата усердно стряпают в университетской славистике начиная с февраля 2022. Прежде они усердно коммерциализировали гонения немецких национал-социалистов на моих иудейских предков, по поводу и без выкладывая на свой карьерный прилавок холокост. Только я-то ведь знал, что вовсе не объективность исторического анализа движет этими функционерами министерства высшего образования Пятой республики, – и даже не восстановление справедливости к моим прадедам ашкеназам! Нет, через свою парижскую «экспертизу холокоста» (эту «мемориальную порнографию» по словам лучшего комического актёра Франции, Дьедонне Мбала Мбала) русисты-начётчики жаждали отомстить абсолютно всем белым народам на Земле, и прошлым, и современным: их религия, Системный антибелый расизм, согласно принципам которой они проходят профессиональную селекцию уже четыре поколения, неизменна. И, конечно же, я оказался прав: Специальная Военная Операция на Украине стала в этом смысле подлинным божественным сюрпризом; маска профессоров русофобии была сорвана, и ту ненависть к коренным народам Европы, которую они беспрепятственно изливали у нас на Западе, они уже не скрываясь перенесли на русских, обвиняя их в геноциде, проча их лидерам международное судилище, и... одновременно голоса «слава украине!» на академических конференциях, – уподобляясь своему финансисту из парижского Юденрата, другому моему единовеццу иудею, Бернару-Онри Леви: <https://www.imdb.com/title/tt2667667/>.

Многие из моих сородичей евреев славистов Запада напрочь и молниеносно позабыли наших предков ашкеназов: да, университетским активистам французского Юденрата с факультетов славистики жертвы антиеврейских гонений времён Второй мировой столь же безразличны, как русская литературная история или прошлое русской живописи, которые они наскоро перекраивают для подлых политических нужд своих хозяев; Булгаков отныне для них «украинский писатель», а Репин с Айвазовским «украинские художники»². Их прошлые «экспертизы по холокосту», – в которых, будучи профессиональным историком (в 1998 я защитил кандидатскую по истории Еврейской секции ВКП(б) с Владимиром Береловичем в парижской EHESS, научная степень, с который меня вскоре пригласили преподавать в Сорбонну, – сразу третьекурсникам <http://anatoly-livry.emonsite.com/medias/files/sorbonne-3eannee.pdf>), я всегда отказывался принимать участие, это такое же карьеристское шарлатанство, как и

16661666166616661666

² См. например, Др. Анатолий Ливри, «Désastre psychique de l'Occident : une visite au Kunstmuseum de Bâle», *Strategika*, Париж, 23 июня 2023, <https://strategika.fr/2023/06/17/desastre-psychique-de-loccident-une-visite-au-kunstmuseum-de-bale/>.

нынешняя фабрикация «великой украинской цивилизации», да и вся их университетская деятельность не более чем коллективное стряпанье тезисов на заказ. Коммерческая повестка постоянно меняется, что доказывает академическую беспринципность, а следовательно, и научное ничтожество профессоров русистов из французского Юденрата.

Считаю, было немаловажно расставить точки над *i* для моих многочисленных сородичей, нередко манипулируемых парижскими чиновниками современного Юденрата, этими фанатиками, живущими сегодняшним днём, и состоящими на жаловании у французского министерства высшего образования.

Как выжить человечеству, несмотря на нормализацию системной дегенерации? Единственной действенной формой тотального подрыва устоев академической русофобии является обнародование научного убожества функционеров анти-русской ненависти, а также коррупционных трюков, коллективно используемых начётчиками для сокрытия своей профессиональной некомпетентности. Изучению в научных, предпочтительнее ВАКовских, журналах России и Беларуси, подлежат все четыре поколения французских славистов, начиная, конечно, с троцкиста Пьера Паскаля, одновременно использовавшего для «социального лифта» структуры иезуитов и лазаристов. Затем требуется проанализировать генерацию его малограмотных, давно умерших ставленников, Катто, Окутюрье и прочих функционеров Пятой республики. После надо разобрать шедевры отобранных ими для французской славистики бытовых проституток из СССР (охотно выходявших замуж за владельцев французских паспортов; единственное, что их отличало от безъязыких старичков, открывших для них двери Сорбонны, это свободное владение русским языком благодаря советской школе), которые уже по своим высокоморальным критериям секционировали поколение современных профессоров французской славистики – «респектабельных экспертов по России и Украине»...

Публикацией на многих языках в ВАКовских журналах России исследований их групповых и индивидуальных плагиатов, безграмотных диссертаций и статей, а также коррупционных схем, узурпаций академических званий и сотен страниц кляуз на конкурентов французскому прокурору, позволяющих профессорам-русофобам маскировать свой позор, я сумею дискредитировать на века всю убогую деятельность этих начётчиков, неизменно покорную генеральной линии Евросоюза и НАТО: Анатолий Ливри, «Профессора-големы в наших университетах и как с ними бороться», День ТВ, Москва, <https://www.youtube.com/watch?v=o4Pvd11W030&t=> .

Я замечаю, что в России намечается здоровая тенденция к очищению собственных академических Авгиевых конюшен: всё чаще в московских СМИ приоткрывается завеса, позволяющая лицезреть глум над философией, в том числе и немецкой, многие годы

практиковавшийся в ИФ РАН³, где я давно нахожу немало общего с «научной методологией» славистики Франции. Жёсткий разбор в ВАКовских журналах четырёх последних поколений французских университетских русистов позволит также осмыслить кто конкретно, а главное следуя каким моральным принципам, принимает сейчас в Париже московских беженков-«философинь» с их свитой *нарциссок*, которую они понабировали в семействах приятельниц своих начальниц⁴.

Более трёх десятилетий я посвятил борьбе с «сократическим познанием», стерильной формой церебральной деятельности, вредоносной для человечества и его эволюции⁵. Недавние геополитические процессы, инициированные Русским миром, ускорили разделение двух антропологических, взаимоисключающих типов: с одной стороны дионисического созидателя, а с другой его смертельного недруга – претенциозно «разумного» прогрессиста, уже не скрывающего свою дегенеративную суть⁶. Здесь, на Западе, немало представителей элит, в том числе финансовых, начинают осмысливать цивилизационный тупик, в который оптимистические слепцы завели собственные народы, и я, напомним это, заметил данный факт в государственных СМИ Беларуси за месяц⁷ до высказывания президента России о ненависти западных верхушек к своим нациям: «Путин подчеркнул, что диктатура западных

16681668166816681668

³ Др. Анатолий Ливри, «Институт философии РАН и уничтожение любомудрия», *Геополитика*, Москва, август 2022,

<https://www.geopolitika.ru/article/institut-filosofii-ran-i-unichtozhenie-lyubomudriya>.

⁴ О внутренней кухне ИФ РАН меня годами информировали из Москвы близкие этих самых московских *философинь*. Здесь см. свидетельство одного из моих российских литературных биографов, экс-ректора Литинститута им. Горького, Сергея Есина, - письменное свидетельство о тех, кто приходит на внешние посиделки ИФ РАН, а главное по какому принципу эти сейчас парижские *философини* селекционировали молодых «философов», будущих старших научных сотрудников ИФ РАН: «Кроме меня пришла еще бывшая аспирантка Нелли Васильевны, ныне уже доктор наук Юлия Синеекая, я встречался с ней на прошлогодней лекции Мотрошиловой в библиотеке на Чистых прудах, и молодой человек, (...) Алексей (<Жаворонков>). Это сын покойной приятельницы хозяйки дома (sic). Алексей закончил МГУ и уже несколько лет живет в Берлине. Сейчас он преподает в Потсдамском университете, собирается защищать докторскую диссертацию по Ницше. Меня обрадовало, что Алексей знает Анатолия Ливри. Я успел сказать, что считаю Анатолия самым хорошо пишущим русским писателем за рубежом. Как же широки мы, русские, и как далеко разлетелись. Одновременно Алексей участвует в каком-то международном проекте - Россия, Германия, Украина - по Ницше и его звучанию в наши дни?»: Сергей Есин, *Дневник. 2015 год*, http://lit.lib.ru/e/esin_s_n/text_02115.shtml.

⁵ См. например, Анатолий Ливри, *ЖОМ, Наше Завтра*, Москва, предисловие профессора Анатолия Клёсова, 2022, 180 с., ISBN 978-5-6046835-8-3), <https://день-магазин.рф/32947-zhom-livri-a>.

⁶ Человеконенавистническое настоящее – тогда будущее! – которое я проанализировал ещё 18 лет назад: Др. Анатолий Ливри, *Набоков ницшеанец*, Алетейя, Ст.-Петербург, 2005, 239 с., ISBN: 5589329-708-3, <http://anatoly-livry.e-monsite.com/medias/files/livri-anatolii-nabokovnitssheanets.pdf>.

⁷ «Ливри: западный истеблишмент ненавидит и презирает собственные народы», 27 августа 2022, https://www.belta.by/world/view/livri-zapadnyj-isteblishment-nenavidit-i-preziracet-sobstvennyenarody-520789-2022?fbclid=IwAR0N9_R17FXwljV-ysoUGhW_wyFfEwC3V19QLltn-bvirFIIDd8qT8cZ7s

элит направлена против всех обществ, в том числе и народов даже самих западных стран. Он назвал подобное поведение вызовом всем.»⁸

Мне знакомы изнутри человеконенавистники, специализирующиеся на ликвидации белых народов – русских в первую очередь. Поэтому мой почин позволяет уже сейчас начинать переформатировать истеблишмент той же Швейцарии, дабы направить его силы в здоровое русло. А при наличии такого международного рычага, как ВАКовские журналы РФ, я смогу подорвать статьями на многих языках, тот престиж традиционной академической мудрости, узурпированный русофобскими шарлатанами профессорского звания.

Др. Анатолий Ливри, Альтдорф, Ш

16691669166916691669

⁸ В. В. Путин, 30 сентября 2022, <https://tvzvezda.ru/news/20229301553-ZBgEP.html>.

Прямая Линия

А.А. Клёсов

Часть 71

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

[Александр Дьяконов 10 мар 2023 в 5:26](#)

Анатолий Алексеевич здравствуйте Вам из солнечной Кубани. По рекомендации, очевидно админа сайта, репостшу вам свой вопрос: «Здравствуйте. Сегодня посмотрел 10 фильм на радио «Говорит Москва» о радиоуглеродном анализе. На 30-й минуте разговор зашёл о ДНК-анализе датировок. Будет ли интересно подключиться Анатолию Алексеевичу и вставить своё видение по этой проблеме? Спасибо. С уважением, Александр.»

[Анатолий А. Клёсов 10 мар 2023 в 8:30](#)

Уважаемый Александр, не имею ни малейшего желания участвовать в этом деле. Линк на видео удален, чтобы не рекламировать. Это - очередная попытка протолкнуть новохронологию, о которой я здесь не раз высказывался. Но попытка, как обычно, неудачная. Видео вышло в 2020 году, с того времени его просмотрело чуть больше 200 человек. Это ли не яркое подтверждение того, что попытка неудачная? Выступал А. Тюрин, новохронолог, который многократно пытался "обосновать" новохронологию, в том числе и манипулированиями моих статей, выдергивая цифры из текста и пытаясь из преобразовать на свой лад, но это каждый раз было откровенная безграмотность, если не сказать жульничество.

По сути вопроса - важность радиоуглеродного анализа была отмечена

Нобелевской премией (1960 год). Его научные основы бесспорны - по остаточному количеству изотопа С14 после гибели животного или растения, поскольку обмен углерода с окружающей средой после этого прекращается, и С14 постепенно распадается, с известной (определенной) скоростью распада, рассчитывается время, когда это животное или растения жило. У него, как и у любого метода, есть свои недостатки, о которых знает любой специалист, например, метод в его исходном варианте не работает на глубинах времен более 40 тысяч лет, поскольку С14 там уже почти не детектируется, степень его деградации уже слишком велика. Но создаются новые калибровочные кривые, повышается чувствительность детекции, устраняются мешающие факторы - всё, как обычно. Но "новохронологи" оседлали именно недостатки, выискивают ошибки, и пытаются создать впечатление, что метод вообще не работает. По сути, опять же занимаются жульничеством. Зачем мне в этой вакханалии принимать участие, тем более в комментариях к провалившемуся видео, о котором все давно забыли?

[Алексей Трухин 12 мар 2023 в 4:31](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич!

Прокомментируйте, пожалуйста, видео "ДРЕВНИЕ НАРОДЫ РУСИ" на канале "Школа Здравого Смысла" от основателя проекта "ДНК-история России" (как звучит!?), Семенова А.С., к.ф-м.н., и проч... При всем уважении к А.Г. Ибрагимову меня начинают терзать смутные сомнения...Честно говоря, встревожило соседство понятий о "ДНК-истории", "собственных данных по древним ДНК Центра России", призывов опровергать "теорию норманизма" и т.д. без упоминания Ваших работ (хотя на Вашу последнюю книгу есть ссылка в "телеге" Семенова), а также густой "замес" на тему "миграции в Поочье племен сармат-аорсов в готскую эпоху", да ещё и "...полиэтническое образование, включившее людей, говорящих на финно-угорских, балтских, праславянских, восточногерманских, сарматских наречиях ... на основе данных по элитному могильнику (Ундрих) рязано-окской культуры". Собственно вопрос: может сразу по-чапаевски «наплевать и забыть»?

[Анатолий А. Клёсов 12 мар 2023 в 9:04](#)

Уважаемый Алексей,

Ответ на Ваш последний вопрос положительный, как ни прискорбно. Упомянутое видео никак не дотягивает до приемлемого уровня. Фактически, там имеется всего одна единица новой информации - это гаплотип из могильника Ундрих рязано-окской культуры. Он оказался гаплогруппы N1a1, что для тех территорий обычное дело. То, что у него субклад VL29 - это, как понимаю, определено не напрямую, а по "предиктору", что в настоящее время субстандартно, а по-простому

говоря - примитивно. Более того, VL29, если это действительно так, это довольно поверхностный субклад для гаплогруппы N1a1, и охватывает миллионы людей на Урале и Русской равнине. А поскольку гаплогруппа N1a1 (и субклад VL29) на Русской равнине довольно недавние, то гаплотипы для всех их носителей похожи друг на друга, разбег мутаций от общих предков небольшой. Поэтому говорить, что тот древний человек с VL29 "похож по гаплотипу на рюриковичей", и приписывать им родство - это, конечно, неважная попытка подгонки.

На самом деле, как я на ходу прикинул, разница в числе мутаций в 37-маркерном гаплотипе между приведенным рюриковичем и тем в могильнике составляет 5 мутаций, то есть эти гаплотипы расходятся на 2150 лет. Заявленные положения надо обосновывать, в том числе и как здесь я показал, а не говорить "похожи", как обычно говорят популяристы. Ну и остальное примерно так же. Если фибулы "похожи" на Балтике и в Рязанском регионе, это вовсе не означает, что они попали в Рязань с Балтики, "похожесть" симметрична и направление не задает, они скорее всего попали в противоположном направлении, из рязанского региона на Балтику, потому что мы знаем, что миграции носителей N1a1 были именно в сторону Балтики.

То же и с топонимикой, нет никаких оснований, что она в Рязани «балтская», направления миграции были, повторяю, в сторону Балтики, так что то, что лингвисты назвали эту топонимику «балтской», это на их совести, могли бы назвать «уральской». Ну, назвали и назвали, но делать выводы на основании того, как назвали лингвисты, это плохой стиль. В общем, там много подобного, вопросы не проработаны. Мне об этом не очень приятно говорить, так как А. Семенов был членом Академии ДНК-генеалогии, потом ее покинул, в частности, из-за подобных разногласий с другими членами Академии. Он очень ориентирован на «пиар», вот из-за этой ориентации и выдает незрелые «интерпретации». Вины А.Г. Ибрагимова здесь нет, он «повелся» на интерес – аудитории и его лично – к ДНК-генеалогии, тем более что А. Семенов начал с патриотизма, с единения народа, а это сейчас тематика актуальная.

[Руслан Людин 12 мар 2023 в 13:45](#)

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич!

Недавно выяснилось, что я возможно являюсь правнуком Николая II и хотел бы провести ДНК генеалогический анализ, который смог бы подтвердить или опровергнуть мое прямое родство с последним царем России.

Скажите, можете ли вы мне помочь и что от меня для этого необходимо?

[Анатолий А. Клёсов 12 мар 2023 в 15:55](#)

Уважаемый Руслан,

Путь ответа на вопрос зависит от того, по какой линии Вы полагаете, что правнук Николая II. Дело в том, что все четыре его дочери (Ольга, Татьяна, Мария и Анастасия), и сын Алексей были расстреляны в 1918 году. Так что независимо от линии правнуком Николая II быть никто не может. Кто-то может сказать, что всех не расстреляли, или не расстреляли никого, но в таком случае мы погружаемся в конспирологию, со всеми последствиями.

Но если Вы скажете - "а если...", и что все-таки хотите деньги пустить на ветер, то проблем нет. Если Вы правнук по линии Алексея, то у Вас его гаплогруппа и гаплотип, они известны. Если по линии дочерей Николая II, то вливаетесь в группу из примерно 40 претендентов, в основном "внуков" и "внучек" Анастасии, беда в том, что ни один из них не оказался внуком, внучкой или правнуком-правнучкой. Тогда будете 41-м в этой славной когорте.

Тогда, если хотите продолжить, Вам нужно определить Y-хромосомную гаплогруппу и гаплотип, мтДНК (на всякий случай, хотя у правнуков мтДНК прабабушки уже как правило ушла), и аутосомные ДНК. Делайте в том же порядке. Если живете не в России, а за рубежом, то обратитесь в компанию FTDNA (США), найдете в Google. Когда результаты получите, сообщите их здесь с соответствующими вопросами. Можно частями.

[Алексей Трухин 13 мар 2023 в 1:52](#)

Спасибо, Анатолий Алексеевич! Ваша просветительская деятельность далеко не бесплодна, - для Вашего слушателя и читателя ловцы "хайпа и пиара" выявляются практически на слух... В очередной раз - снимаю шляпу!

[Анатолий А. Клёсов 13 мар 2023 в 8:45](#)

Уважаемый Алексей,

В Вашем тексте вопросов нет, но он затрагивает болезненную тему "ловцов хайпа и пиара" в современной околонучной деятельности, поэтому прокомментирую. К сожалению, А. Семенов пошел по этому пути. Как я уже упоминал, практически единственной единицей информации в его видео-выступлении было определение гаплотипа из захоронения в окско-рязанском регионе. Ничего необычного в этом гаплотипе не было, гаплогруппа N1a1, типичная для этого региона. Этот

гаплотип и гаплогруппа вошли в статью А. Семенова с двумя историками под названием "Происхождение рязано-окских крестообразных фибул и генезис местной воинской элиты". Статья заняла 17 страниц текста, из них последние полстраницы озаглавлены "Данные ДНК о генезисе рязано-окской элиты", там и приведен гаплотип, причем написано, что "Для определения гаплогруппы использовались авторские интерпретации". Так, конечно, в научных статьях не принято, гаплогруппу определяют прямым типированием. Но историки не знали, наверное, думали, что это "новейшие ДНК-данные", как указано в аннотации статьи. В остальном же статья написана историками в сугубо "историческом" ключе.

На самом деле А. Семенов провел непростую работу в его обстоятельствах. Надо было установить контакт с археологами, получить от них костные остатки из могильника, договориться со специалистами-генетиками, чтобы они определили гаплотип, найти деньги от пожертвователей для оплаты этой работы. Гаплогруппу генетики не определили, по внешнему виду это явно была N1a1, потому что они на Русской равнине все похожи, имеют историю в основном не более, чем 3500 лет, поэтому здесь трудностей не было. Но А. Семенов хотел пройти глубже, что делается или напрямую опять же генетиками, или построением дерева гаплотипов в сравнении с гаплотипами известных субкладов. А. Семенов это делать не умеет, поэтому пошел по пути, применяемому в 2000-х годах, а именно с помощью "предиктора", разработанного за рубежом в тех же годах. Метод довольно условный, поэтому дает только "поверхностные" субклады-снипы, вот А. Семенов и решил, что это VL29, который покрывает большинство гаплогруппы N1a1 в западу от Урала. В общем, приблизительно, так сказать "к сведению", "может быть", "почему нет". В ходе этого А. Семенов неоднократно консультировался с И.Л. Рожанским и мной, и мы ему объяснили, что это сугубо приблизительно. Примечательно, что в конце статьи идет раздел с десятками благодарностей, которые А. Семенов выражает тем, кто ему помогал, наших фамилий там нет. Это хорошо, что нет, поскольку к такому материалу и "авторским интерпретациям" чести иметь отношение нет, но характерно, что благодарности не вынес. Никаких "рюриковичей" и прочего, что А. Семенов рассказывал в видео на "Школе Здравого Смысла" в статье, разумеется, нет, это было бы слишком.

Это была присказка, теперь начинается сама история с видео.

А. Семенов уже имел опыт создания видео в ШЗС, который был снят с эфира по причине негативных отзывов и низкого уровня. Но автор не смутился, и через полгода-год снова обратился к А.Г. Ибрагимову с просьбой дать ему еще раз выступить с важным материалом, там и патриотизм, и рюриковичи, и "тысяча богатырей", которые встали из-под земли, чтобы защитить народ во время невзгод, то есть о единении народа. Там же, что русские - несравненно более древние, чем считают

ученые. Последнее - безусловно, это данные ДНК-генеалогии, но на них А. Семенов не сослался. Типа, что он сам это открыл. Ну, генезис воинской элиты, очень важно. А.Ибрагимов, конечно, дал зеленый свет, тем более что время такое, военное.

На самом деле у А. Семенова был всего лишь один гаплотип, никакого "генезиса воинской элиты" он не показывает и показывать никак не может. Равно как и все разговоры, которыми А. Семенов активно сдабривал свое выступление, про сармат, аорсов, готскую эпоху и прочее. Никакого отношения к одиночному ископаемому гаплотипу гаплогруппы N1a1 это ничего не имеет. Гаплотип - дело хорошее, но одиночный ровным счетом ничего не дает. Сейчас научные статьи содержат десятки ископаемых гаплотипов, иногда сотни, в авторах - десятки, а то и сотни людей, идет вал информации, правда, интерпретация зачастую хромает. У А. Семенова никакой интерпретации по сути нет. Он не схватывает, что на Балтике множество носителей гаплогруппы N1a1, которые прибыли около двух тысяч лет назад со стороны Урала, откуда вышли примерно 3500 лет назад. А.Семенов в видео называет "вождем" того, кого раскопали, но в самой статье слова "вождь" вообще нет, есть "воин". То, что А. Семенов проводит "связь" его с рюриковичами, как я уже отмечал выше, никакого смысла не имеет, между ними слишком много мутаций.

Вопрос - что за "движущая сила", которая толкает А. Семенова на публичное представление совершенно незрелых данных, по сути одного гаплотипа, значимость которого откровенно преувеличивается ("вождь") и придумываются "связи" с Рюриком? Ответ прост - страстное желание пиара, хайпа. Но это неэтично. Бывает, что найденный гаплотип (или гаплогруппа) является действительно сенсацией, как было, например, с находкой гаплогруппы R на Байкале с датировкой 24 тысячи лет назад. Или довольно большой серии R1b в древней ямной культуре. Или серии R1a-Z645-Z93 в фатьяновской культуре (хотя многие другие образцы по сути нетипированы). Или одиночный R1a в культуре веретье в Архангельской области с датировкой примерно 12 тысяч лет назад. Или одиночные R1a и R1b на Днепре с датировками около 10 тысяч лет назад. Это переворачивало представления о истории народов. Находка N1a1 в рязано-окском регионе ничего не переворачивает, это - нормальные для тех мест гаплогруппа и гаплотип. Но пиара и хайпа хочется, отсюда - "вождь", "связь с Рюриком" и так далее. Но это не наука.

А. Семенов мог бы честно сказать - вот, сделал что мог, организовал определение древнего гаплотипа. Денег и других возможностей нет, чтобы провести хотя бы определение субклада. Никто бы не имел претензий. Но так имеют внутренние силы поступать немногие.

[Александр Беляев 14 мар 2023 в 1:12](#)

Анатолий Алексеевич, здравствуйте! Некоторые люди, ссылаясь на исследования Брайана Сакса, Стивена Оппенгеймера и Барбары Арреди утверждают, что гаплогруппы R1a, J2, C3 и N1 принадлежат тюркам. Действительно ли указанные авторы делают такие утверждения и как относиться к их исследованиям? Заранее спасибо.

[Анатолий А. Клёсов 14 мар 2023 в 9:00](#)

Уважаемый Александр,

Эти "некоторые люди" должны для себя понять, кто такие тюрки. Тюрки по определению - это люди, говорящие на тюркских языках, и они живут повсюду от Алтая до Кавказа и до Турции, не считая рассеянных тюрков по всему миру. Понятно, что у них имеются самые разные гаплогруппы, в том числе и названные Вами (впрочем, C3 - давно устаревшая номенклатура). Некоторые определяют тюрков не по языку, или не только по языку, но и по "тюркскому происхождению", вкладывая в это разный смысл - этноязыковый, религиозный, и прочий. Но это все равно охватывает людей от Алтая до Кавказа и Турции, так что ответ тот же.

Что касается перечисленных Вами трех авторов, к их исследованиям стоит относиться с уважением, понимая, что в большинстве своем они давно устарели. Они скорее относятся к истории науки, чем к текущему состоянию науки. Делали ли эти авторы утверждения про тюрков, уже давно не имеет значения, они много чего утверждали или предполагали, что или с тех пор уточнилось, или не выдержало проверку временем. Обычное дело для старых работ.

[Андрей Рыжов 14 мар 2023 в 6:06](#)

Анатолий Алексеевич. А как вот у людей языковые группы связываются с родами? Всегда не мог понять механизма такого соединения в голове у людей.

[Анатолий А. Клёсов 14 мар 2023 в 9:11](#)

Уважаемый Андрей,

Если под родами Вы понимаете гаплогруппы (определение рода зависит от контекста, и может быть, например, социальным, тогда это не гаплогруппы), то они могут быть связаны с языковыми группами, а могут и не быть связанными. Это зависит от истории развития как рода, так и языка. Например, род R1a образовался примерно 22 тысячи лет назад, и какой тогда у них был язык - мы не знаем. Но знаем, что уже 6000 лет назад они говорили на арийских языках (или арийском языке), который

политкорректные лингвисты переназвали "индоевропейским" языком, или языками, и пронесли эти языки в разных направлениях – на восток, юго-восток и на юг (потом и на запад), а также оставили на Русской равнине с 5000 лет назад. В восточном направлении, на южный Урал, с переходом на юг, в Индию, язык сохранился индоевропейским. На Русской равнине он остался индоевропейским. В южном направлении он ушел арийским, и стал языком митаннийских ариев в Сирии, а потом заменился арабским. Дойдя до Алтая как индоевропейский, он там заменился тюркским. Как видите, есть самые разные варианты, которые определяются историей племен и народов. Нет никаких заранее сформулированных правил и утверждений.

[Валерий Зубков 15 мар 2023 в 5:48](#)

У меня такой вопрос - как бы вы изменили ДНК генеалогию, если бы получили достоверные данные, что бутылочное горлышко было не 64 тыс лет назад а 6-7 тыс лет назад?

[Анатолий А. Клёсов 15 мар 2023 в 8:11](#)

Уважаемый Валерий,

ДНК-генеалогия, конечно, не изменится, изменилась бы интерпретация некоторых событий. Но это вряд ли, потому что, например, в Китае общие предки современного населения гаплогруппы О жили более 9 тысяч лет назад, так что там "бутылочного горлышка" 6-7 тысяч лет назад не было. Далее, дерево гаплотипов множества жителей планеты сходится к общему предку (или общим предкам) 64±6 тысяч лет назад, так что "горлышка" 6-7 тысяч лет назад мы не видим. Я не знаю, откуда в сети повторяют эту байку про "потоп", или что там, 6 тысяч лет назад, видимо, обычный испорченный телефон. Возможно, где-то были локальные катаклизмы, и скорее всего где-то были, но определенно не для всего человечества. Если появятся такие научные данные, опубликованные в научных журналах, примем к сведению, но не более того. А что это вообще может изменить?

[Анатолий А. Клёсов 15 мар 2023 в 16:55](#)

Уважаемый Валерий,

Вы не на тот ресурс обратились. Во-первых, здесь задают вопросы, а не размещают обширные выдержки из Библии. Во-вторых, Библия – не научный источник, при всем уважении к Библии как грандиозному литературному памятнику, но не все литпамятники – научные источники, они написаны по другому формату, нежели научные работы. В-третьих, то, что Вы верите, «что это правда», и что Вы «доверяете Библии» - это Ваше личное дело, никто у Вас этой веры и доверия не

отнимает.

Вы задали вопрос и получили ответ. Хотите задать очередной вопрос – нет проблем. Но Ваш текст является нарушением правил этого ресурса, и потому удален.

Но Вы, помимо восприятия Библии как научного источника, совершили и другие ошибки. Вы написали, что «если бы взяли за аксиому время (от всемирного потопа 5500 лет), то сделали бы научное открытие, т.е. вы отличный ученый». Заблуждаетесь по меньшей мере дважды. Вы, видимо, не знаете, что термин «открытие» в науке имеет конкретный смысл, а именно прорыв в нашем понимании закономерностей окружающего мира, который не может быть выведен на основании существующего знания. Повторить что-то за Библией, и тем более за аксиомой, открытием по определению быть не может. И такой человек «отличным ученым» быть никак не может.

Ну и последнее. Допустим, кто-то решил, на основании Библии или нет, что 5500 лет назад был всемирный потоп. Ну и что дальше, при чем там скорости мутаций, от чего рассчитывать и что получите? Вы это пишете, видимо, «на автопилоте», не понимая смысла того, что пишете. Ничего в этом страшного нет, кроме того, что выходите на широкую публику, не понимая того, о чем пишете. Как так можно? Вот сейчас танки в моде, лидеры страны танкостроительные и танкоремонтные заводы посещают. Вот я бы ибрякнул – хотите открытие? Надо гусеницы не вдоль, а поперек танка помещать. А еще лучше по диагонали. Я, мол, не специалист, но в это верю, и так думаю. Будет открытием. Похоже?

[Валерий Зубков 16 мар 2023 в 3:04](#)

Я Вас понимаю, но используя Библию археологи открыли местонахождение городов о которые раньше воспринимали как мифические, Вавилон например, исторические личности описанные в Библии тоже оказываются реальными. Ученые используют библейские сведения и они подтверждаются. Поэтому я и написал.

У меня такой вопрос: может ли днк генеалогия подтвердить или опровергнуть происхождение народов, описание в 10 главе книги бытие Библии?

И ещё в 10-11 главах указывается место откуда начали расходиться народы по всей земле - Быт 11:2,9: "Двинувшись с востока, они нашли в земле Сеннаар равнину и поселились там. ... Посему дано ему имя: Вавилон, ибо там смешал Господь язык всей земли, и оттуда рассеял их Господь по всей земле."

Как вы оцениваете достоверность этого с точки зрения днк- генеалогии?

[Анатолий А. Клёсов 16 мар 2023 в 12:58](#)

>Я вас понимаю.

Уважаемый Валерий, нет, не понимаете. Вы путаете научные источники и источники информации. Научные источники должны быть выверены и перекрестно проверены. Они должны быть обоснованы. Они должны соответствовать определенному протоколу. Напротив, источники информации могут содержать правду и ложь, это Вам любой следователь скажет. Источники информации могут быть легендами и мифами, искаженными пересказами того, что когда-то было или вообще не было. Они могут содержать правдивые описания, или отчасти правдивые описания, но заранее невозможно сказать, что там правдивое и что нет. Но если применить научные подходы, то что-то может оказаться правдивым, или отражением правдивого, но в некой отраженной степени. Это вовсе не значит, что весь источник правдивый. Или что весь ложный.

Так вот, Библия – это источник информации, говоря сухим языком. Что-то там есть отражение правдивости, что-то правдиво, что-то фантазийно. Именно поэтому Библия – не научный источник. Но ее никто и не рассматривает как научный источник, кроме людей, которые к науке не имеют никакого отношения, и верят, что раз в ее содержание многие верят, то это и есть наука.

Да, в Библии упомянуты города, которые на самом деле существовали, но это было показано только после специальных научных изысканий. А многие места, там упомянутые, найти не удалось, или они давно поменяли свои названия, или их просто не искали. Существование персонажей, описанных в Библии, в большинстве своем не подтверждены. Вы о них прочитали в Библии, и это для Вас достаточно, чтобы в их существование поверить. Ну и замечательно, верьте на здоровье. Пытаться их опровергать – пустое дело, да и зачем? Вот так и существуют два мира – мир верующих и мир ученых, и никому это не мешает. Раньше один мир пытался истребить другой, потом наоборот, а потом поняли, что это бессмысленно и непродуктивно. Пусть живут оба. Вот и я – пишу об этом только потому, что Вы спросили.

>Ученые используют библейские сведения и они подтверждаются.

Кто Вам это сказал в таком общем виде? Есть понятие «библейская археология», но на самом деле результатов там практически нет. Напротив, есть результаты прямо противоречащие. Например, в Фивах

(Египет) найдена стела Мернептаха (13-го сына Рамзеса Великого), который правил в 1213-1203 гг до н.э., то есть через несколько столетий после библейского исхода из Египта, по датировкам иудейских книжников (исход был по их оценкам примерно в 1600 г. до н.э.). На стеле выбито – «Израиль мертв, нет семени его». По данным историков, в те годы Египет продолжал править в Ханаане, хотя по Библии фараон с войсками утонул во время исхода, и евреи навсегда освободились. Это не просто некая случайная версия, про стелу и правление Египта в Ханаане, это пишут израильские историки, например, статья Faust в том же журнале «Библейская археология», который издается в США.

Еще пример – как известно, в Библии описан Авраам как отец евреев и арабов. Действительно, изучение ДНК евреев и арабов гаплогруппы J1 дал общего для них предка с датировкой примерно 4000 лет назад, подходит. Но то же самое оказалось для евреев и арабов с гаплогруппой J2, общий предок 4000 лет назад, и с гаплогруппой R1a, общий предок 4000 лет назад. Но Авраам не мог иметь три гаплогруппы, понятно, что это был некий сводный персонаж, что никак не совместимо с Библией.

И таких примеров сколько угодно. То, что в Библии описан «всемирный потоп», он никак не мог быть всемирным, да и как узнали бы об этом жители Междуречья, что потоп был и в Америке, и в Австралии, и в Юго-Восточной Азии, и на Русской равнине и в Европе? Не было тогда таких средств коммуникации. Вполне возможно, что потоп был в Междуречье, реки разливались, и это местное событие нашло отражение в Библии. Но люди впечатлительные продолжают толковать о «всемирном потопе», и даже, как мы уже знаем, предлагают изменить скорости мутации в Y-хромосоме на основании этой легенды. Страшно далеки они от науки.

>может ли днк генеалогия подтвердить или опровергнуть происхождение народов описание в 10 главе книги бытие Библии?

В 10-й главе перечисляются десятки фамилий потомков Ноя, которые «распространились на земле после потопа». Опять, это не фамилии исторических персонажей, которые были бы подтверждены наукой. Это не более, чем сказания, отношения к науке не имеющиеся. К ДНК-генеалогии это тоже отношения не имеет, там нечего подтверждать или опровергать. Более того, нет основы для подтверждения или опровержения. Выше я сообщал, что протяженные гаплотипы всех гаплогрупп на планете сходятся к одному общему предку, который жил 64±6 тысяч лет назад. Заметьте, не 5-6 тысяч лет назад, которыми часто датируют «всемирный потоп». Тем не менее, опровергать эти воззрения несерьезно, это как опровергать с помощью ДНК-генеалогии, был ли Колобок или нет.

Есть еще одна «зацепка»: глава 11 книги «Бытие» начинается со слов – «На

всей земле был один язык и одно наречие». Ни один лингвист серьезно не отнесется к тому, что 5-6 тысяч лет назад на всей планете был один язык. К тому времени, за десятки тысяч лет, человечество распространилось по всей планете, и никто не может серьезно думать, что в Австралии, в Китае и в Европе 5-6 тысяч лет назад люди говорили на одном языке. Уже давно образовались основные языковые группы. Но опять, несерьезно критиковать Библию за такие высказывания, они, хотя и абсурдны, но никому не мешают. Это примерно как обсуждать, на каком языке говорил тот же Колобок, и это, видимо, был «один язык и одно наречие» с зайцем, волком, медведем и лисицей. Кто же будет это серьезно обсуждать? Так и историю с Вавилонской башней, ну какие специалисты это будут обсуждать только на том основании, что так написано в Библии или в «Повести временных лет».

Так что искренний совет – успокойтесь, и не пытайтесь «поверить Библию наукой». Это – разные миры.

[Валерий Зубков 17 мар 2023 в 2:33](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Благодарю за такой подробный ответ!

1. О скорости мутаций - вы уверены что она строго линейная во времени? И была одинаковой всегда? И что на нее не влияют внешние факторы?

2. Вы рассчитываете по скоростям мутаций даже общего предка шимпанзе и человека, но это исходя из Веры в теорию эволюции. То есть, если изначально принята неверная аксиома то и все дальнейшие рассуждения не верны... ? Вы не допускаете это?

3. Как ученый вы должны быть знакомы с теорией вероятности. Единственная Живая клетка в немыслимое количество раз сложнее любого конструктора Лего (да вообще всего что создал человек), и вероятность случайной ее сборки не просчитывается вообще и абсолютно, так кто больше фантазер, тот кто верит в разумного Творца, или верит в невозможную случайность? Может поэтому самые гениальные ученые были верующими? И более 60 % математиков сейчас верующие? Они умеют считать...

[Анатолий А. Клёсов 17 мар 2023 в 7:33](#)

Уважаемый Валерий,

Искренне советую перечитать (или прочесть, если в первый раз) "Письмо к ученому соседу" А.П. Чехова. Впрочем, достаточно следующей выдержки:

"... О. Герасим сообщил мне, что будто Вы сочинили сочинение, в котором изволили изложить не весьма существенные идеи на щот людей и их первородного состояния и допотопного бытия. Вы изволили сочинить что

человек произошел от обезьянских племен маргышек орангуташек и т. п. Простите меня старичка, но я с Вами касательно этого важного пункта не согласен и могу Вам запятую поставить. Ибо, если бы человек, властитель мира, умнейшее из дыхательных существ, происходил от глупой и невежественной обезьяны то у него был бы хвост и дикий голос. Если бы мы происходили от обезьян, то нас теперь водили бы по городам Цыганы на показ и мы платили бы деньги за показ друг друга, танцуя по приказу Цыгана или сидя за решеткой в зверинце. Разве мы покрыты кругом шерстью? Разве мы не носим одеяний, коих лишены обезьяны? Разве мы любили бы и не презирали бы женщину, если бы от нее хоть немножко пахло бы обезьяной, которую мы каждый вторник видим у Предводителя Дворянства? Если бы наши прародители происходили от обезьян, то их не похоронили бы на христианском кладбище... Извините меня неучка за то, что мешаюсь в Ваши ученые дела и толкую посвоему по старчески и навязываю вам свои дикообразные и какие-то аляповатые идеи, которые у ученых и цивилизованных людей скорей помещаются в животе чем в голове. Не могу умолчать и не терплю когда ученые неправильно мыслят в уме своем и не могу не возразить Вам".

Это так, просто намек, не более того. Вспомните, что я заметил, что наука и Библия - разные миры, и не стоит взаимно залезать не на свое поле. Вы же упорно пытаетесь залезть, что заслуживает соболезнования, сочувствия, сожаления. Но таких людей немало, все они заслуживают того же. С другой стороны, я профессиональный преподаватель, и должен исполнять свой долг. Поэтому продолжаю объяснять.

Скорость мутации - не "линейная во времени". Она выражается в другой размерности, это не линия, это число. Вы, видимо, хотели спросить, постоянная ли скорость мутации, и далее справедливо спросили, была ли она одинаковой всегда, и влияют ли на нее внешние факторы?

Надо пояснить, что положения науки, в отличие от религиозных догм, могут меняться в ходе развития науки. Поэтому ответы на вопросы, типа таких, которые Вы задали, всегда (по умолчанию или в явном виде) сопровождаются пометкой - согласно текущему состоянию науки. Так вот, согласно текущему состоянию науки мутации в Y-хромосоме (а мы работаем в основном с ними, хотя это в целом применимо и к мтДНК) - являются фундаментальным следствием законов природы. Мутации - это результат сбоя копирующей системы организма, которая копирует, переписывает Y-хромосому ДНК от отца к сыну. В ходе этого копирования время от времени происходят ошибки, когда вместо одного нуклеотида система вставляет в копию Y-хромосомы другой нуклеотид. Их всего четыре, так что выбор есть, хотя и небольшой. Эти ошибки происходят очень редко, для Y-хромосомы - в среднем один раз на поколение, на все 62 миллиона нуклеотидов в Y-хромосоме. Это и есть мутации в Y-хромосоме. Есть еще мутации в гаплотипах Y-хромосомы, их

скорость постоянна, и такой, постоянной, была всегда, во всяком случае в ходе последних нескольких миллионов лет. Поэтому это фундаментальная величина. Многие специалисты пытались найти "непостоянство" скоростей мутаций, влияют ли внешние факторы на скорость мутаций, такая ли она по всей планете, для разных людей, и никому не удалось найти какие-либо изменения в константах скоростей мутаций во времени или географии.

Понятно, что всегда можно найти критические условия, например, при ядерном взрыве, но тогда человек просто погибнет, и рассуждать о скоростях мутации не приходится. А обычный радиационный фон на скорости мутаций не влияет, опять же никому не удавалось такие влияния показать. Поэтому вывод такой - при современном состоянии науки средние скорости мутаций являются постоянными, фундаментальными величинами. Вопрос стоит не так, как Вы задали "уверен ли я", а что показывает современное состояние науки. С верой - это, пожалуй, в церковь.

Именно так было рассчитано, когда жил общий предок шимпанзе и современного человека. Был экспериментально определен гаплотип Y-хромосомы шимпанзе из зоопарка, и то же для современного человека, посчитано число мутаций между этими двумя гаплотипами (их оказалось очень много), и с использованием известных скоростей мутаций было определено, что общий предок шимпанзе и человека жил примерно 4 миллиона лет назад. Это в пределах погрешности согласуется с тем, что давно определили (точнее, оценили) антропологи. Вера в теорию эволюции там была не при чем, она шла общим фоном, там для специалистов сомнений вообще нет.

Таким образом было показано, что скорость мутаций в гаплотипов Y-хромосомы не менялась в течение последних во всяком случае нескольких миллионов лет. Опять, здесь специалисты руководствуются не верой, и не догмами, а прямыми экспериментальными данными и их обоснованной интерпретацией.

Далее, многие верующие люди, то есть те, кто руководствуются религиозными догмами, верят в то, что никакой эволюции человека и вообще живой природы не было, как Бог создал, так все и осталось с тех пор. Опять, нет проблем, пусть так думают, никому не мешает. А современная наука располагает неопровержимыми данными, что живая природа на протяжении миллионов и сотен миллионов лет, развивалась по пути эволюции, в простейшем случае - путем случайного, статистического отбора признаков. Эволюция - это и есть путь случайных мутаций, дальше идет приспособление к окружающему миру. Любой, наверное, знает, что болезнетворные микробы в госпитале очень изменчивы, и быстро приспосабливаются к любым антибиотикам. Довольно скоро антибиотик надо менять, потому что на новые поколения

микробов он уже не действует. Это и есть эволюция в миниатюре. ДНК микробов постоянно мутирует, все время появляются новые мутанты, и выживают те, на которые данный антибиотик не действует. Иначе говоря, мутации случайны, но их выживаемость направляется антибиотиком. Поэтому эволюция в своей основе случайна, но направляется окружающей средой.

>"То есть, если изначально принята неверная аксиома то и все дальнейшие рассуждения не верны... ? Вы не допускаете этого?"

Ну почему же не допускаю? Таких ситуаций в науке сколько угодно. Но только теория эволюции - не аксиома, как Вы (неверно) полагаете. Она появилась как результат наблюдений и размышлений, и продолжает совершенствоваться в деталях. В науке, за исключением математики, аксиом вообще нет, Вы опять пытаетесь употреблять слова, глубинный смысл которых не понимаете, как следует из Ваших вопросов и рассуждений. Вы, например, толкуете о "случайной сборке", которая "не просчитывается вообще", но это не об эволюции, как Вам, видимо, кажется. Эволюция - не "сборка", поскольку понятие "сборка" обычно относится к чему-то, где есть план этой сборки. Более того, эволюция не "просчитывается", Вы опять пытаетесь вводить в систему кого-то, кто может "просчитывать". Вы пытаетесь войти в другой мир, к которому Вы не принадлежите. Это - самая большая Ваша ошибка.

Ну, и последнее.

>... так кто больше фантазер, тот кто верит в разумного Творца, или верит в невозможную случайность? Может поэтому самые гениальные ученые были верующими? И более 60 % математиков сейчас верующие? Они умеют считать..."

Вы, будучи индоктринированы, употребляете довольно бессмысленные выражения, типа "невозможная случайность". Случайности сопровождают нас всю жизнь, начиная от рождения. Эволюция - это не "невозможная случайность", это случайность, которая становится закономерностью.

То, что "самые гениальные ученые были верующими" - да, кто-то был, особенно в прошлые века. Но это еще раз показывает, что наука и религия не пересекаются. Если ученый верил в высшие силы, то эта вера была всегда неполной. Он знал, что если смешает раствор поваренной соли и соли серебра, то в осадок всегда выпадет хлорид серебра, а не, например, цинка, хотя высшие силы могли бы и цинк высадить. То есть ученый знал, что его действия первичны, а высшие силы - это где-то в стороне, у них своя форма выражения. Вы, видимо, сами не очень понимаете понятие "верующие", попытайтесь дать ему определение. Вы бездумно пишете,

что "60% математиков сейчас верующие", как будто сами проводили опрос среди математиков. В этом еще Ваша проблема - Вы что-то вбрасываете, причем фантазийно, не задумываясь, что спросят - откуда Вы это взяли? И Вы не желаете понимать, что такое "верующие". Читают Библию? Верят в справедливость? Верят в силы природы? Регулярно ходят в церковь, синагогу или мечеть? "Верующие" - это очень расплывчатое понятие в наше время. Не надо его употреблять всуе.

[Алексей Трухин 16 мар 2023 в 2:51](#)

Танки должны быть вообще без гусениц... и без пушки, кстати, - ну, "открывать" так "открывать"!!!

Вопрос, если так можно выразиться, на злобу дня: "Гипотетически с началом финансового, экономического и т.д. кризисов могут случиться всякие катаклизмы типа гражданских войн, миграций и прочих неприятностей, так ведь и до "бутылочного горлышка" можно дойти. В США готовы к такому развитию событий?"

[Анатолий А. Клёсов 16 мар 2023 в 10:25](#)

>В США готовы к такому развитию событий?"

Уважаемый Алексей,

Вопрос в США так и не ставится, за исключением небольшой группы алармистов, которые стихийно возникают и стихийно же исчезают. А не ставится, потому что России - за крайне редким исключением - не хватает решимости выполнять свои угрозы. Так во всяком случае выглядит из США. Типичный оборот - "противная сторона несет всю ответственность за происшедшее", без сообщения, что за ответственность и когда она последует. Ответ простой - никогда. Так опять же выглядит из США. Еще пояснение, почему вопрос так не ставится и так не воспринимается - в России дипломатия традиционно во главу угла ставит компромиссы. Причем компромиссы традиционно во ущерб интересам России, по типу полшага вперед - два шага назад. Так многими десятилетиями воспитано все Министерство иностранных дел. Проводятся якобы "красные линии", через которые противная сторона, посмеиваясь, переступает, и реакции никакой, или пустое "несет всю ответственность", или очередной компромисс. Еще пояснение - в России принято заранее забегать с публичными миролюбивыми заверениями, что "мы ничего такого делать не будем". Никто вроде бы за язык не тянет, можно было бы и помолчать, пусть понервничают, но нет - надо непременно заверить, что "мы не такие". Поэтому в США "принимающие решения" уверены, что можно сколько угодно тестировать "красные линии", отбирать собственность, нарушать договоренности, и равным

счетом ничего не будет, или смолчат, или будут очередные "компромиссы".

[Дмитрий Мельчариков 16 мар 2023 в 10:39](#)

Добрый день Анатолий Алексеевич!
Не могу нигде найти информацию по гаплогруппе R1a1a1b1c2, подскажите пожалуйста где ее можно найти.

[Анатолий А. Клёсов 16 мар 2023 в 13:15](#)

Уважаемый Дмитрий,

Тот индекс, что Вы указали - это фантом. Он использовался Е. Балановской в ее лаборатории, и гуляет по сети как якобы R1a-Z92. На самом деле такого индекса не было и нет. Правильный индекс R1a1a1b1a2a-Z92, но во избежание частых ошибок пишете просто R1a-Z92, это однозначно определяет снп.

[Игорь Копытков 17 мар 2023 в 9:55](#)

Анатолий Алексеевич, здравствуйте! Подскажите, пожалуйста, для углубленного исследования родословной какой тест заказать Big Y 700 или WGS+ YSTQ?

[Анатолий А. Клёсов 17 мар 2023 в 10:15](#)

Уважаемый Игорь,

Это примерно как спрашивать, покупать Мерседес или Бентли. Я бы спросил, а это первая Ваша машина, водить-то умеете? Если нет, купите Тойоту Короллу, или еще проще, а потом решите, нужны ли Вам машины высшего класса. Спрашиваю по аналогии - а другие, более простые и менее дорогие ДНК-тесты делали? Если нет, начните с них, закажите 27-маркерный гаплотип и гаплогруппу в Академии ДНК-генеалогии вместе с персональной интерпретацией (такую никто в мире больше не делает), посмотрите, что получится, ответили ли на Ваши основные вопросы. Если ответили, то вопрос снят. Если вошли в азарт, и хотите получить больше ответов, причем поняли, какие именно, переходите к более дорогим тестам. Не факт, что они ответят на Ваши вопросы. Мне, например, не ответили, хотя в процессе тестирования я понял, что мне они и не нужны.

[Игорь Алексеев 17 мар 2023 в 14:33](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! В декабре 2017 Игорь Львович опубликовал статью с новыми данными о "рюриковичах". Их общий предок опустился в 4-й век. У любителей русской истории пропала красивая легенда о призвании Рюрика с братьями, а для норманистов — полный крах! Викингов в 4-м веке найти невозможно. Как отреагировали те и другие? Есть ли об этом в Вашей новой книге о мифах норманизма?

[Анатолий А. Клёсов 17 мар 2023 в 16:51](#)

Уважаемый Игорь,

Поскольку те князья, которые признаются штатными генеалогами "рюриковичами", расходятся по трем гаплогруппам, не так важно, в каком веке жили их общие (по каждой гаплогруппе) предки. Определить, конечно, полезно и иллюстративно, но это ничего не решает, даже если у каждой группы общий предок жил бы именно во времена летописного Рюрика. В любом случае Рюрик не мог иметь три разные гаплогруппы. Многие исследователи и прочие любители говорят, что поскольку больше всего "рюриковичей" (11 признанных человек) имеют гаплогруппу N1a1, то это они и есть. Да, формально вероятность больше, но это, строго говоря, не доказательство. В какой-то группе могли больше выжить, в какой-то меньше. Времена суровые были. Меня здесь интересовал другой вопрос - а хоть какая группа из этих трех могла иметь скандинавское происхождение, более того, шведское? Выяснилось, что ни одна из них не могла. Группа с R1a не имела никаких корней в Скандинавии, представитель с I2a-Y3120 имел южно-славянский субклад, которого в Скандинавии вообще нет, а группа с N1a1 не имеет в своем ДНК-окружении никого из скандинавов или шведов. Все они уходят в боковые ветви на диаграмме (дереве) сніпов, ни одна из тех ветвей не является предковой к "рюриковичам".

Кстати, только что вышла книга "Мифы "норманской теории" (в соавторстве с Л.П. Грот), в которой это подробно рассмотрено. Что касается того, как к этому отнеслись норманисты - думаю, что никак. Норманизм - это русофобская религия, а от религии обычно не отказываются. Русофобу что угодно доказывай, а он будет искать другие доводы, самым придуманные, которые лягут в его религию. Книга не для них написана.

[Игорь Рожанский 17 мар 2023 в 19:10](#)

История с Рюриковичами скоро должна получить новый оборот. В недавнем выпуске программы «Наблюдатель» на ТВ Культура, посвященном этике палеоантропологии, один из участников, руководитель лаборатории в системе РАН, анонсировал скорый выход статьи по анализу ДНК аутентичных Рюриковичей из средневековых

захоронений. Он подал эту информацию в теме передачи, как проблему с научной этикой, а именно, как относиться к Рюриковичам из Дворянского Собрании, если по научным данным выясняется, что они не являются родственниками русских князей из династии Рюриковичей. Очень похоже, что это завуалированный намек на отсутствие образцов из ветви N-Y10931 в исследованных захоронениях, но надо дождаться статьи.

ДОПОЛНЕНИЕ: Прошло несколько месяцев, но о статье пока не слышно.

[Игорь Рожанский 17 мар 2023 в 19:45](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, у меня вопрос по Big Y. Вы написали, что этот тест не ответил ни на один из интересовавших Вас вопросов. А как же совместная работа с энтузиастом из Брянской области А. Барановым? По ее результатам удастся проследить историю ваших родов до домонгольских времен и даже предложить наиболее вероятные славянские племена, уроженцем которых был предок - вятичи или северяне. Без тестов Big Y такая реконструкция была бы проблематична, потому что в очень плотно заселенном субклада R1a-Y2902 ветви сильно перемешаны даже в 111-маркерном формате, что не дает возможности распознать родство разных линий.

То же самое касается центрально-европейской ветви R1a-L1029, носителем которой я являюсь. Там без Big Y вообще нереально определить ближайшую нисходящую ветвь, не говоря уж об углубленном анализе.

Разумеется, тут все зависит от постановки вопроса - для кого-то информация об «однобуквенной» гаплогруппе является исчерпывающей, кто-то ожидает, что тест на Y- ДНК даст цепь предков чуть ли не поименно, с датами жизни и местами проживания.

[Анатолий А. Клёсов 17 мар 2023 в 21:25](#)

>как относиться к Рюриковичам из Дворянского Собрании, если по научным данным выясняется, что они не являются родственниками русских князей из династии Рюриковичей.

Уважаемый Игорь Львович,

Ответ на этот вопрос дал лет 15 назад граф П.П. Шереметев. На вопрос, как он отреагирует, если его ДНК тест покажет, что он не рюрикович, он ответил, что отреагирует спокойно. Сказал, что десятки поколений его предков служили во славу России, и это ему важнее, чем данные ДНК анализа.

В отношении "аутентичных рюриковичей из захоронений" ожидаю

скандальные обсуждения, в которых оппоненты будут настаивать, что откопали (или взяли из склепа) вовсе не тех рюриковичей, что скелеты не те, что у них нет тех повреждений, которые должны были быть, что их подменили или подложили не тех, что ДНК анализ неправильный, потому что кости трогали руками и загрязнили, и так далее и тому подобное. Вспомним вакхналию оппонентов при изучении костных остатков Николая II и семьи, в которой одну из первых скрипок играл Животовский, обиженный тем, что его не пригласили для участия в генетическом анализе, и который прилагал большие усилия, чтобы дискредитировать результаты ДНК-анализа. Тут же у него оказалась большая поддержка "принципиальных" оппонентов, у которых были свои интересы. Все это описано в моей книге "Интернет. Заметки научного сотрудника" (Изд. Московского университета, 2010) в большой главе. Кстати, повторное издание этой книги выйдет, видимо, в мае этого года, уже двухтомником.

[Игорь Рожанский 17 мар 2023 в 22:13](#)

Разумеется, шквал претензий не замедлит возникнуть сразу после публикации результатов, а потому очень многое зависит, насколько надежно данные проверяются перекрестными методами. Если, скажем, из останков Андрея Боголюбского, Дмитрия Донского и Ивана Грозного получат одни и те же (или очень близкие) гаплотипы, то версия о "неправильных пчелах" станет очень неубедительной. Это любой криминалист скажет. Если же получится очень разнородная смесь, то это означает, что рано ставить точку в этой работе. Мы пока не знаем, какова реальная ситуация.

[Игорь Копытков 18 мар 2023 в 4:30](#)

Уважаемые Анатолий Алексеевич и Игорь Львович, благодарю вас за обсуждение и ответ на мой вопрос. Я сделал 37 маркерный тест (I2a-Y3120) и получил хорошую интерпретацию в академии. Но мои пращурьы за последние двести лет переместились из Екатеринославской губернии через, предположительно, Черниговскую и Тобольскую губернии в Ташкент, Алма-Ату и Каракол. По архивам удалось восстановить маршрут переселения от Тобольска и дальше в семиречье. В Тобольске архивы переселенцев утеряны, поэтому остается надежда на ДНК генеалогию. Сейчас я хочу, без фанатизма, попробовать проследить маршрут их перемещения по Новороссии, белой Сербии или Хорватии. По всей видимости, на данный момент времени мне достаточно сделать SNP типирование на 4 основных снипа южных славян. Правильно я понял Ваш ответ?

[Анатолий А. Клёсов 18 мар 2023 в 9:54](#)

Уважаемый Игорь Копытков,

Действительно, носители южно-славянского, или дунайского субклада I2a-Y3120 должны были как-то попасть в Новороссию, видимо, исходно с Балкан. Поэтому определение нижестоящих субкладов Y3120 может дать подсказку. Правда, теперь там не четыре, а уже шесть нижестоящих субкладов, все образовались в среднем 15 снп-мутаций тому, или примерно 2200 лет назад. Пока нет четкого отнесения образования каждого из этих субкладов по территориям, хотя в книге "Народы России. ДНК-генеалогия" они упоминаются десятки раз, с попытками разнести их по соответствующим регионам.

[Игорь Алексеев 18 мар 2023 в 6:13](#)

Уважаемые Анатолий Алексеевич и Игорь Львович, ценность найденной даты в том, что она очень точно совпадает с приходом в русские земли династии Дуло (368 г.) По свидетельствам многих источников правители Руси, Венгрии, Болгарии, Волжской Булгарии и Вятичей принадлежат к этой династии. Автор "Слова о полку Игореве", говоря о прадедной славе, перечисляет представителей династии Дуло. Известно ли Вам об этом?

[Анатолий А. Клёсов 18 мар 2023 в 10:02](#)

Уважаемый Игорь Алексеев,

Начнем с того, что "протоболгарская" династия Дуло ведет свое начало примерно с 590 г, а не с 368 г, как Вы написали. К ее ранним потомкам относятся, например, Кубрат (600-665 гг.), Аспарух, и другие. Пишу об этом только потому, что Вы следуете весьма ненадежному пути, а именно выхватываете "подходящую" дату и подстраиваете под нее некую "концепцию". В данном случае и дата оказалась неверная. Путь ненадежный в принципе, потому что в 4-м веке родились множество людей и произошло множество событий, к тому же и 4-й век рассчитан с определенной и немалой погрешностью, и к каждому из них можно что-то подгонять. По разумным правилам науки, надо не просто вослицать типа - "о, 4-й век, тогда произошло вот то-то", а идти с двух сторон - "сверху и снизу", обосновывая и то, почему взяли такую-то датировку, и то, почему именно она правильнее множества других возможных.

[Игорь Алексеев 18 мар 2023 в 19:10](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, спасибо за уделённое внимание. У меня нет вопроса, но могу ли я, с Вашего позволения, доказать свою правоту?

[Анатолий А. Клёсов 19 мар 2023 в 7:41](#)

Уважаемый Игорь Алексеев, Вы не сообщили, правоту в чем Вы предполагаете доказывать. В том, что Вы дали неверную дату начала династии Дуло? Или Вашего оборота "точно совпадает", когда точного совпадения там быть не может - и дату дали неверную, и расчеты общих предков обычно проводятся с погрешностью плюс-минус несколько столетий, когда гаплотипов немного? Или в том, что нельзя выхватывать один вариант "совпадения", когда их там практически бесконечное множество?

Да, конечно, нельзя исключать того, что одна группа "рюриковичей" идет от династии Дуло, нет никаких оснований для категорического исключения. Как и от Октавия, приемного сына Юлия Цезаря, как утверждал один из наших авторов, тоже не приводя никаких доказательств. Предлагать можно много чего, выхватывая одно или другое из бесконечного числа вариантов, только наука так не работает. Так работает беллетристика, но там другие критерии.

Так что доказывать свою "правоту" не надо, во всяком случае в этом ресурсе, здесь задают вопросы. Если у Вас есть действительно серьезные обоснования, то напишите статью в Вестник Академии ДНК-генеалогии, там и обсудим, если пройдет рецензию. А здесь Вас поздравим, если приведете обоснованные данные и доказательства.

[Анатолий А. Клёсов 18 мар 2023 в 12:24](#)

>"... очень многое зависит, насколько надежно данные проверяются перекрестными методами. Если, скажем, из останков Андрея Боголюбского, Дмитрия Донского и Ивана Грозного получат одни и те же (или очень близкие) гаплотипы..."

Именно так. Одиночными ДНК-тестами в таких ответственных случаях не обойтись. Надо определять гаплогруппы-субклады-гаплотипы у разных рюриковичей и сопоставлять их друг с другом, и надо дублировать ДНК-тесты, добиваясь максимальных степеней покрытия. Но популяционной генетики так обычно не работают, в том числе и потому, что такие исследования стоят дорого, часто десятки миллионов рублей. Наконец, не удивлюсь, если они вообще гаплогруппы-гаплотипы-субклады определять не будут, а займутся "геномными методами" с последующим "компьютерным моделированием" результатов "примесности". Тогда можно начинать выносить святых.

[Игорь Рожанский 19 мар 2023 в 0:43](#)

>Тогда можно начинать выносить святых.

Святые должны остаться на месте. В передаче речь шла как раз о гаплогруппах.

[Алексей Трухин 19 мар 2023 в 7:43](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич!

Кстати, вопрос по болгарам: "Исторические сведения об общих предках части болгарского этноса и волжских болгар (предков части современных татар и других поволжских народов) нашли подтверждение со стороны ДНК-генеалогии? По каким гаплогруппам и, вообще, удалось ли проследить их родство?"

[Анатолий А. Клёсов 19 мар 2023 в 11:28](#)

Уважаемый Алексей,

Не знаю, откуда эта цитата, но она явно "по понятиям", причем, не знаю, каким. У болгар - сборная солянка гаплогрупп, что не удивительно, они всегда были на перекрестке движений народов. У них нет явно преимущественной по доле гаплогруппы. Поэтому "проследить родство" можно с кем угодно, было бы желание. Смотрите сами: E1b 24%, I2a 22% (почти все - южно-славянский субклад Y3120), J2 11-16% (по разным выборкам), R1a 13-17% (по половине от Z280 и M458), R1b 10%, G2a 5-7%, I1 3-4%, J1 2-3%. Что-то от того было и у волжских болгар, и у татар, и у кого хотите.

[Алексей Трухин 19 мар 2023 в 12:30](#)

Извините, Анатолий Алексеевич! Цитата именно "по понятиям"... В интернете всякого понаписано про хана Аспаруха, его отца, его братьев и проч. (как версия приводится предположение М. И. Артамонова и и Л. Н. Гумилёва о происхождении правящей династии Дуло от тюркского рода Ашина). У меня самого со школьных времен остались воспоминания о "родственности" Болгарии и Булгарии, а в Вашей книге о народах России увидел ту самую "солянку", - самому, естественно, разобраться в таком клубке информации не удастся. Потому и спросил, в надежде, что ДНК-генеалогия в лице основателя просветит...

[Анатолий А. Клёсов 20 мар 2023 в 20:53](#)

Уважаемый Павел, Вы делаете типичные ошибки для дилетантов, так сказать. Во-первых, откуда Вы взяли, что "это башкирский субклад"? Во-вторых, не нужно указывать индексы типа I1a1b, они часто меняются в классификации гаплогрупп, и концы потом уже не найти. Если это

недавний субклад, то это I1a-Z2337, или его синоним I1a-CTS10028. Снимы уже не меняются. В-третьих, никогда не привязывайте народ или территорию к субкладу или снипу, типа "башкирский", это бывает в крайне редких случаях, если действительно снип больше нигде в мире не найден, и только с недавними снипами. Ваш же снип образовался 27 снип-мутаций, или примерно 4000 лет назад, и с тех пор разошелся по всей Европе. Например, этот снип имеет половина белорусов гаплогруппы I1a, он есть у эрзя, татар, сербов, и многих других народов, не буду перечислять. Под ним есть много нижестоящих снипов, но та компания, что делала для Вас ДНК-тестирования, их просто не определила. Иначе говоря, сделала поверхностное тестирование, неглубокое. Впрочем, Вы, наверное, их об этом и не спрашивали. Если это они Вам сказали, что это "башкирский" субклад, то больше к ним не обращайтесь, и другим я бы не советовал.

Что же касается того, как эта гаплогруппа (и снип) попали на территорию будущей России, то "ножками", детали Вам никто в мире не скажет. Если хотите детали, то нужен гаплотип, чем протяженнее, тем лучше, тогда можно будет построить дерево гаплотипов, и посмотреть, в какую ветвь дерева Вы попали, и кто еще есть в той же ветви. Такое исследование делает Академия ДНК-генеалогии в Москве, больше никто в мире не делает. Если "крупными мазками" - то 4500-4000 лет назад в Европе был геноцид коренных жителей, и носители гаплогруппы I1a были почти полностью уничтожены, немногие выжившие бежали в разные концы Европы, в том числе и на Русскую равнину. Как видите, примерно тогда же и образовался Ваш снип. Так что это не германские народы и не родственники германцев, хотя и такую схему придумать можно без труда. Как и любую другую. В общем, хотите искать ответ - надо этим заниматься, определять гаплотип, обращаться за персональной интерпретацией в Академию, и обращаться в архивы - церковные, военные, городские, районные, областные.

[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 8:07](#)

Ну если в Генотеке, тогда понятно. В этом ресурсе мы не раз рассматривали обращения читателей с недоумениями в отношении результатов их тестирования в Генотеке. Обычно это нахрапистые "толкования" с использованием устаревшей номенклатуры субкладов, а если "исследования" - то хайповые. То по их "данным" русские образовались от шотландцев (ответ - нет ничего близкого), то в России всего несколько процентов населения образовались от коренных русских (это обоснованно было отвергнуто специалистами), то еще что-то подобное. Устаревшее обозначение и в этот раз - снип L22 уже 6 лет как соответствует субкладу I1a1b1, а не I1a1b. Иначе говоря, они уже шесть лет не обновляют свои обозначения снипов, которые, впрочем, никому и не нужны, как я пояснял выше. I1a-L22 вполне достаточно. То, что "потомок

викингов" - это обычная для Генотека халтура, причем норманистского толка. То же и про "германские набеги". Поскольку L22 - нижестоящий сноп по отношению к Z2337, который упомянут выше, то все мои пояснения про белорусов и прочих носителей снопов Z2337 → L22 остаются в силе. Хотите узнать больше про сноп I1a-L22 - он упомянут 17 раз в моей книге "Народы России. ДНК-генеалогия" (2021, 782 страницы), при описании снопов разных народов.

Ну, и про Башкирию. Да, этот сноп встречается в башкирских родах Гере (Гирей) и сословии Башкирские казаки в составе северо-восточных башкир, но Вы сами сообщили, что нашли трех башкир и около ста русских с этим снопом, так что выводы делайте сами.

Напоминаю, что в этом ресурсе задают вопросы, а не размещают статьи и сторонние ссылки, это снято. Если по выводам статьи есть вопросы, их и задавайте.

ДОПОЛНЕНИЕ. Надо прояснить вопрос о "потомках викингов" на Русской равнине, любимой теме норманистов. Раньше они это просто постулировали, без каких-либо доказательств, включая и то, что русские якобы произошли от скандинавов. Поскольку проверить это было невозможно, не было такой методологии, то принимали как факт, тем более что утверждали шведские академики, фавориты при царском дворе. Потом, с развитием археологии, начали фальсифицировать происхождение материальных признаков из захоронения, что они якобы "скандинавские" в огромных количествах. Все это шло под флагом "первичности", "первородства" шведов и прочих скандинавов по сравнению с русскими, а по сути - под флагом претензии шведов (в первую очередь) на русские земли. Норманизм - именно об этом. Это все описано и развенчивается в недавней книге "Мифы норманской теории" (2023).

Когда начались исследования ДНК, норманисты оказались тут как тут. Что "рюриковичи" якобы ведут свое происхождение из Швеции, что N1a1 у них - шведского происхождения, что гаплогруппа I1a в России - из Швеции, или в целом из Скандинавии. Про R1a они тоже было агитировали, что это на Руси скандинавские, но быстро выяснилось, что в Скандинавии они практически исключительно снипа R1a-Z284, которого в России практически нет, как нет на Украине, в Белоруссии, Литве, а у "рюриковичей" - Z280, M458 и I2a-Y3120, которых в Скандинавии нет.

То, что Генотек сообщает, что I1a в России от "викингов", то есть тоже скандинавская, это тот же норманизм. Сразу видно, откуда у Генотека ноги растут. На самом деле они мошенничают, пользуются неосведомленностью их клиентов. Если бы I1a в России была бы от скандинавов (обычно относят к шведам), то она непременно

сопровождалась бы R1a-Z284, эти две гаплогруппы выражены в Скандинавии (Швеции, Дании, Норвегии). Но вот незадача - R1a-Z284 у русских и прочих славян практически нет. Получается, что на границе Скандинавии и Руси стояла застава, и I1a оттуда пропускали, а R1a-Z284 - не пропускали. Вот такие знатоки гаплогрупп на тех заставах были.

На самом деле было все проще. I1a - это общеевропейская гаплогруппа, прошла бутылочное горлышко выживания 3600-3700 лет назад, по какой-то причине они скопились в Скандинавии (37% от всех в Швеции, 32% в Норвегии, 34% в Дании), и на восток почти не ходили, в основном ходили (как викинги) на Британские острова, поэтому там почти все R1a - именно снипа Z284. А в Восточной Европе I1a прибывали путем общей диффузии, начиная с тех 3600-3700 лет назад. И рассредотачивались от Белоруссии до Урала.

[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 9:17](#)

>Familytreedna показывает, что с L22 больше всего в Финляндии, Швеции и Англии

Ничего удивительного. Это - три страны, в которых больше всего людей прошли тесты на ДНК. Про Швецию уже написано выше, что там оказалось больше всего I1a после уничтожения их в Европе. В Англии - потому что на Британские острова было больше всего нашествий из Скандинавии. В Финляндии - потому что они были колонией Швеции на протяжении столетий. Да и вообще, что "больше всего" реально означает? У басков больше всего гаплогруппы R1b, ну и что? Надо ожидать, что и на Русь они оттуда пришли? У ирландцев тоже R1b много, ну и что? Надо ожидать, что потому же и на Руси они должны быть? В Африке есть много (миллионы человек) R1b-V88, ну и что, будем ждать, что и в России тоже должно быть много? В Швеции много I1a, ну и что, тоже будем считать, что в России оттуда? А в Китае тьма гаплогруппы O, но вот в России ее почти нет, вот какая незадача.

Это какая-то примитивная "логика", точнее, логики там вовсе нет. Есть конкретные данные, что в России I1a не из Скандинавии, а если и есть что-то из Скандинавии, то не больше, чем из других стран Европы. Это только норманисты с их русофобией как только видят I1a в России, то - "непременно из Скандинавии". Им и доказательств не нужно, они работают спинным мозгом "по понятиям".

Еще раз повторяю - задавайте вопросы, иначе это будет продолжаться бесконечно.

ДОПОЛНЕНИЕ: Павел, еще одно нарушение правил этого ресурса, и Вы будете отсюда удалены.

[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 14:52](#)

Павел Петров с ресурса удален. Навсегда. Автоматически удалены и все его сообщения. Впрочем, потеря небольшая, из моих ответов ясно, о чем они были.

[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 11:33](#)

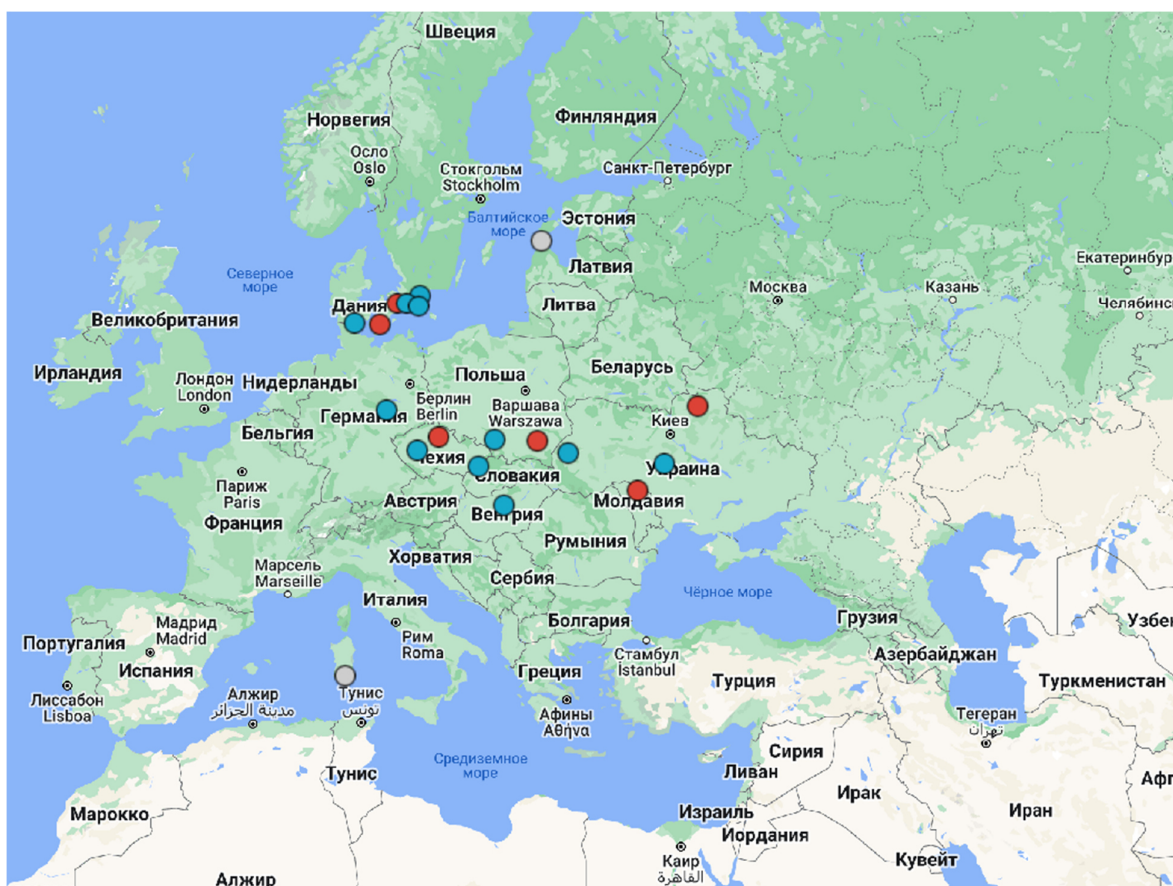
Поскольку речь у нас зашла о гаплогруппе I1-M253, то расскажу о ее необычной истории. Она образовалась из гаплогруппы I-M170 давно, 161 снип-мутацию назад, то есть примерно 23200 лет назад. Коллектив YFull дает для ее образования 27500 ± 2300 лет назад, но не объясняет причину такого расхождения. Впрочем, для последующей истории это не так важно, потому что сразу вслед за ней идет снип L121, который образовался согласно YFull всего 4600 лет назад, и сразу за ним идет I1a-DF29, который образовался тоже 4600 лет назад. Такого разрыва во времени, в 20 тысяч лет, между двумя последующими снипами быть не может, чтобы за это время ни одного снипа не образовалось. Это согласуется с представлениями, что с гаплогруппой I1 произошла катастрофа, практически все погибли в Европе примерно 4500 (с погрешностью в несколько столетий) лет назад.

После I1a быстро, один за другим, образовалось несколько последующих снипов, все образовались примерно 4600 лет назад, предпоследний перед L22 образовался 4200 лет назад, и L22 - 3900 лет назад. Как видим, это очень поверхностный снип, примерно половина всех остальных снипов I1a находятся под ним, это несколько сотен снипов. В этом отношении L22 не является информативным, он покрывает практически всю Европу, от Атлантики до Урала. Поэтому вся тарабарщина от попгенетиков, включая Генотек, что этот снип характерен для викингов, является совершенной ерундой. Он образовался, как видим, за три тысячи лет до викингов. Генотек является типичной коммерческой компанией, им надо хайп и пиар, вот они это и исполняют для привлечения клиентов. Наш респондент попадает в их "профиль", он свято верит в то, что ему рассказали (или написали) в Генотеке. Сказали, что это "башкиры", он верит (или про башкиров сам нашел), сказали, что это "викинги", он верит. Причем, как показывает обсуждение выше, ему что-либо объяснять бесполезно. Он уже "на автопилоте", и выхватывает только то, что подтверждает его "веру". Последующие объяснения таким бесполезны, он будет продолжать выхватывать то, что ему "нужно". Если таких не останавливать, с ними получается сказка про белого бычка, которая по определению длится бесконечно. Сейчас, полагаю, она закончилась, с чем всех нас поздравляю.

[Игорь Рожанский 21 мар 2023 в 18:17](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! У меня вопрос из разряда риторических. Что бы написали в Генотеке и иже с ними по поводу сравнительно молодой, около 1700 лет до общего предка, линии, что имеет такую вот географию? Что это за ветвь, желающие могут найти по названию прикрепленного файла.

Если без шуток, то у меня вопрос к администратору. Можно ли на этом ресурсе как-нибудь прикрепить объявление, что Генотек - это лохоторон? Очень уж регулярно здесь появляются жертвы их мошенничества, а еще больше молча оплакивают потраченные деньги и время.



[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 18:53](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Поскольку название ветви-снипа Вы прикрепili к карте, то не составляет большого труда понять, что это - молодая ветвь европейского субклада R1a-L1029. Как и положено по названию, носители этой ветви разошлись по Европе, во всяком случае по Восточной Европе, с заходом, как мы видим, в Скандинавию. Я не знаю, что бы написали в Генотеке. Танзанийская? Тибетская?

То, что Генотек - это шушера (см. Google), давно известно. Как только Генотек всплывает под осветители, начинается их высмеивание, и здесь мы относительно нежные. Помню, как профессор Северинов их раскатывал по ТВ, показывая, как ведущие сотрудники Генотека несут ахинею, есть такое академическое выражение. Но они ведут агрессивную рекламную кампанию, и им удается набирать немало заказчиков. А потом некоторые приходят сюда с рефреном - "кабы я знал раньше...".

Что касается объявления, то у нас, да и вообще в России так не принято, деликатные мы. Остается спокойно ждать, когда на них кто-то из клиентов подаст в суд, и думаю, это будет не в отношении древней истории, а на их тесты по "здоровью" и соответствующим якобы патологиям. Не знаю, есть ли у них лицензия Минздрава на такую их активность, как имеют все подобные компании на Западе, но рано или поздно они роковыми выводами сломают чью-то жизнь, и их засудят.

[Сергей Кудашов 21 мар 2023 в 19:35](#)

Уважаемый Игорь Львович, у нас есть закреплённый комментарий в отношении Википедии, как считаете стоит ли по важности его менять на предостережение в отношении отдельной лаборатории? Ну или, допустим, поместить в самом начале описания группы рекомендовано где проходить ДНК-тест?

[Анатолий А. Клёсов 21 мар 2023 в 21:23](#)

Уважаемый Сергей,

Рекомендации, где заказывать ДНК-тест, дело нужное и правильное, у нас это много раз спрашивали и продолжают спрашивать. Понятно, что подавляющее большинство потенциальных заказчиков нас не читают, но наш долг - дать совет тем, кто его может увидеть и прочитать.

Я бы рекомендовал всего две организации, где стоит проходить ДНК-тест на гаплогруппы-гаплотипы. Одна - в Москве, другая в США. В Москве - это Академия ДНК-генеалогии, где можно заказать тест и персональную интерпретацию его результатов. Плюс - для российских заказчиков, потому что не нужно посылать образец в США и заполнять анкеты на английском языке. В США - это компания FTDNA. Плюс - большой выбор того, что можно заказать. Минус - надо отправлять образец в США (см. выше), к тому же формально это противозаконно по российским правилам. А сейчас, думаю, в США что-либо посылать, как от них и получать, очень трудно. Еще минус в FTDNA - отсутствие персональной интерпретации.

Где проходить тест не нужно - это в Генотек. Устаревшая и часто неверная номенклатура, примитивные и неверные трактовки результатов, шарлатанский "тест на национальность". Многих привлекают "тесты на здоровье", которые делает Генотек, но это дело слишком ответственное, чтобы доверять Генотеку. Неверные результаты и "диагностика" могут сломать жизнь. Например, предскажут рак, когда его и близко нет, и жизнь поломана, человек начинает ходить по врачам, и это становится главным содержанием бытия.

[Дмитрий Вотрин](#) 22 мар 2023 в 16:32

Уважаемый Анатолий Алексеевич, с Вашего позволения поделюсь недавним опытом почтовых коммуникаций с FTDNA. Возможно, кому-то информация пригодится.

На удивление на данный момент (март 2023 года) почта из России в США ходит без перебоев, это подтверждается сообщениями в тематических форумах, информацией от работников самой Почты России и, наконец, личным недавним опытом. Сейчас оформлять отправление за рубеж нужно самостоятельно в приложении Почты России или на ее сайте, но в этом ничего особо сложного нет. Может, разве что, смутить пункт "содержание отправления", но кто-то прямо пишет "2 plastic tubes" ("2 пластмассовые колбы"), я пишу что-то вроде "Sample kit" ("Набор с образцом"), вопросов никогда не было. Все отправления нашей почты отслеживаются по трек-номеру, прохождение таможни (а это тоже фиксируется) занимает несколько минут. С момента "исчезновения с радаров" внутри страны (статус "Отправлено из России") до прибытия за океан (статус "Начата обработка в США") обычно проходит недели две, а общая длительность маршрута последнего дошедшего отправления с тестом моего однофамильца заняла чуть меньше месяца - с 9 декабря 2022 года по 7 января 2023.

Недавно, а именно 9 марта я послал еще один образец. 13 числа он отправился из России, вот-вот ожидаю начало обработки в США и затем прибытия в пункт назначения. Иногда бывают курьезы - через несколько дней после отправки из России вдруг возникает статус "Прибыло в Россию". Дальше снова таможня и отправка за границу - ну, видимо, бывают небольшие накладки, но в итоге доходило все всегда исправно.

Касательно незаконности подобных отправок видел как-то такую позицию, что запрещена отправка биологических образцов в научных и медицинских целях, но каждый конкретный человек направляет свой образец прежде всего в личных целях для глубоких генеалогических исследований, поэтому вроде как под запрет такая отправка попадать не должна. Наверняка опытные юристы найдут доводы как за, так и против подобной трактовки, но меня больше интересует практический аспект, и

как показывает опыт (а я отправил уже порядка 10 таких посылок за последние несколько лет), вопросов мои отправления ни на почте, ни при прохождении таможни и границы России никогда за это время не вызывали.

Теперь о ситуации с получением новых наборов для тестирования. С этим, увы, все намного хуже. Не знаю, как американские почтовые службы относятся к отправке чего бы то ни было в Россию, но FTDNA попросту исключило Россию из числа стран, в которые можно направить набор для тестирования. Позиция ли это руководства FTDNA, распоряжение ли сверху - не знаю. Но я сейчас снова говорю о практической стороне вопроса. Благо, FTDNA вполне себе декларирует возможность отправки в Казахстан, чем я и воспользовался в начале декабря минувшего года на очередной их рождественской распродаже, указав адрес друзей. FTDNA предоставило трек отправления почтовой службой DHL, которая спустя почти два месяца в конце января выдала статус из Германии (?!), что посылка не вручена и возвращается отправителю. Я выразил свое недоумение FTDNA, которое в свою очередь выразило мне сочувствие и отправило новую посылку в начале февраля - уже какой-то иной почтовой службой. В течение примерно двух недель посылка колесила по Штатам, совершив среди прочего в течение одних суток такой вираж: Newark, US -> Dublin, Ireland -> Jamaica, NY (полагаю, Дублин тут все-таки был какой-то локальный, не ирландский), но уже месяц как снова "пропала с радаров". Я пока еще надеюсь, что друзья в Казахстане ее получают, хотя и не исключаю, что FTDNA придется сделать и третью попытку - в соответствии с известной русской поговоркой.

Еще раз подчеркну, что это ситуация на конкретную дату, и все вполне может измениться довольно скоро. Впрочем, тут почему-то приходит на ум древняя восточная мудрость о том, что нет ничего более постоянного, чем что-то временное.

[Анатолий А. Клёсов 22 мар 2023 в 17:28](#)

Уважаемый Дмитрий Вячеславович,

Поясняю для аудитории: Д.В. Вотрин - член Академии ДНК-генеалогии, поэтому он вправе нарушать основное правило данного ресурса о том, что здесь задают вопросы. Помимо того, тема актуальная, многие спрашивают, как отправлять образцы в FTDNA. Если резюмировать, исходя из его пояснений, то если из США дойдет набор для вашего образца ДНК, то отправить его обратно в США проблем с почтой России обычно не вызывает, проблема в том, чтобы этот набор исходно получить. А поскольку его обычно не получить, то вопрос с отправкой становится фантомным. Конечно, можно исхитриться, выезжать за рубеж, получая набор там по заранее заготовленному адресу, или задействовать

зарубежных приятелей, но далеко не все идут по этому пути, особенно когда можно заказать тест в московской Академии ДНК-генеалогии обычной почтой и отправить образец своей ДНК туда же без хлопот. Иначе говоря, для начинающих, которым не нужны хитроумные тесты, вопроса исходно нет, и с FTDNA стоит связываться (с трудностями, изложенными выше) только при переходе на высокие уровни тестирования, например, полногеномные ДНК-тесты, BigY (стоимостью в сотни долларов) и тому подобное.

Надо сказать, что дело, наверное, не в русофобии FTDNA, потому что ситуация общая, и в США среди "русских" уже больше года ходят устойчивые разговоры, что почтовые отправления в Россию не принимают, а если принимают, то они не доходят. Я сам не посылал, потому не проверял. Возможно, у кого-то есть положительный опыт.

[Алексей Трухин 24 мар 2023 в 2:44](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич! Вчера случайно наткнулся на беседу «нашей знакомой» К.А. Геворгян с А. Красовским (интервью "Поворот на Восток. Антонимы с Антоном Красовским"), журналистом с «неоднозначной» репутацией, мягко скажем... Но вопрос-то у меня по поводу «залихватского» утверждения Антона, прозвучавшего в самом начале ролика ещё до беседы (дальше можно уже и не смотреть, - собственно к К.А. особых претензий у меня нет), который сказал, что он «этнический поляк и классический европейский индоевропеец» с гаплогруппой R1b1 «как Ч.Дарвин и Николай II»! Как Вам такое «определение»? Мне это резануло ухо, и как-то рельефно прояснило ситуацию с ДНК-генеалогией, - до некоторых персонажей донести смысл этой науки невозможно!

[Анатолий А. Клёсов 24 мар 2023 в 8:02](#)

Уважаемый Алексей,

То, что Красовский этнический поляк - ему виднее, а вот то, что он якобы гаплогруппы R1b1 - добавляет к его репутации еще то, что он вылезает на публику не зная, о чем говорит. R1b1 - это древнейший, архаический субклад, который идет со снипом R1b1-L754. Его находят только в древнейших захоронениях. Ни у Дарвина, ни у Николая II таких не было. У последнего был R1b-U106, во всяком случае этой линии. Наконец, говоря "классический европейский индоевропеец", носитель гаплогруппы R1b показывает себя как болтун, который опять же не понимает, о чем говорит, изрекая некие мыльные пузыри. У гаплогруппы R1b были три основные (в историческом отношении) линии, снипы M73, Z2103 и P312/U106. Первая, R1b-M73, прошла через древнюю ботайскую культуру северного Казахстана, видимо, на пути из Южной Сибири, и

заглохла, ее последними носителями были часть карачаево-балкарцев, в особенности балкарцев, с тюркскими языками, то есть никак не индоевропейскими. Вторая, R1b-Z2103, прошла через ямную культуру, и ушла через Кавказ на юг, в Месопотамию и на Ближний Восток, у них не было индоевропейских языков. Третья, заселившая Европу после 4800 лет назад в виде археологической культуры колоколовидных кубков, также не говорила на ИЕ языках, это в Европе были "доиндоевропейские времена". Они, носители R1b-P312/U106, заговорили на индоевропейских языках только в начале I тыс до н.э., примерно 3000 лет назад, а некоторые так продолжили на до-ИЕ языках, например, баски и этруски. Так что носители R1b заговорили на ИЕ языках как минимум на 1500 лет позже, чем носители R1a, которые прошли с Русской равнины в Индию и Иран во времена 4500-3500 лет назад, и в Сирию (митаннийские арии) примерно 4000 лет назад. Тогда же, когда основали синташтинскую культуру на южном Урале. Поэтому назвать язык носителей R1b "классическим европейским индоевропейским" - это надо быть Красовским.

[Игорь Рожанский 25 мар 2023 в 0:36](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Я не знаю (и не горю большим желанием узнать), кто такой Красовский, но если он декларирует у себя польские корни и гаплогруппу R1b, то вполне может оказаться из довольно любопытной "ветви Миклухо-Маклая". Если не возражаете, размещу здесь свой пост полугодовой давности с ресурса, где он похоронен под толщей других сообщений. На мой взгляд, показательная иллюстрация, как ДНК-генеалогия вскрывает семейные легенды.

[Игорь Рожанский 25 мар 2023 в 0:42](#)

Николай Николаевич Миклухо-Маклай (1846-1888). Неординарная личность: этнограф, путешественник, популяризатор науки, и просто смелый, на грани (порой за гранью) авантюризма человек. Родись он на 3-4 столетия раньше, был бы среди тех, кто шел в неизвестность открывать и покорять новые земли. Может статься, континент по другую сторону Атлантики мы бы называли не Америкой, а Николией... У нас в районной библиотеке были его дневники о пребывании на Новой Гвинее, изданные в 1950-е. Брал их несколько раз - захватывающее чтение, несмотря на суховатый научный язык. До сих пор помню этот довольно увесистый том в переплете из бордового коленкора (такие давно уже не делают), богато иллюстрированный рисунками автора, который к тому же был хорошим художником. Впрочем, в его время умение точно и по всем правилам зарисовать свои наблюдения было обязательным для естествоиспытателя. Время фотошопа и скандально знаменитого физика Шёна наступит намного позже.

Однако, благодаря ДНК-генеалогии выяснилось, что у ученого был один недостаток - тщеславие. Запоминающаяся двойная фамилия - это его изобретение, потому что он сам, и все его предки носили фамилию Миклуха. В ОБД Мемориал его однофамильцы компактно располагаются в Житомирской области. Обоснованием для изменения фамилии стала, по словам потомков Миклухо-Маклая, семейная легенда, что основателем их рода был шотландец на польской службе по фамилии Мак-Лай. Он попал в плен к казакам, перешел на их сторону, принял православие и женился на девушке из рода Миклуха.

Видимо, чтобы проверить легенду, потомки ученого сдали тест на Y-ДНК. Результат, казалось бы, все подтвердил - гаплогруппа R1b, самая распространенная в Шотландии. Но это оказались "неправильные пчелы", потому что тест Big Y поместил их в субклад Z2106, известный нам по ямной культуре, и далее в молодую (2300±250 лет до предка) ветвь Y14300 <https://www.yfull.com/tree/R-Y14300/> На схеме из YFull они под номерами YF019253 и YF068561, помечены украинскими флажками.

По составу и датировкам ветви не возникает никаких сомнений, что она зародилась в славянской среде, а предки Миклухо-Маклая на много поколений вглубь по мужской линии были славянами. Шотландец тут явно "фотошопный", в отличие, например, от Лермонтовых.

Давайте простим ученому эту маленькую слабость - очень ему, наверное, хотелось показать себя выходцем из настоящего дворянского рода, как шляхтичи Брешко-Брешковская или Грумм-Гржимайло. Заслуги перед отечественной наукой все перевешивают.

[Анатолий А. Клёсов 25 мар 2023 в 8:53](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Действительно, после определения гаплогруппы ДНК-генеалогия Миклухо-Маклая прояснилась. Для тех, кто не знает, R1b-Z2106 это "внук" R1b-Z2103 (по современной классификации), обе найдены в ямной культуре в волжских степях, снип Z2103 образовался в среднем 38 снип-мутаций, или примерно 5500 лет назад, а датировка самой ямной культуры принимается археологами как 5300-4600 лет назад. Поскольку ямная культура находилась на территории современной России, то многие ее потомки так и живут в России, их сейчас примерно 5 миллионов человек. Продолжение ямной культуры было и на территории будущей Украины, так что там тоже есть множество носителей тех же снипов Z2103 > Z2106 (средний снип M12149 опускаю, его определяют редко, он не в обычном наборе снипов для определения), и нижестоящих. Так что

никакой экзотики в гаплогруппе-снипе Миклухо-Маклая действительно нет.

У поляков, говоря об упомянутом выше, гаплогруппы R1b вдвое-втрое больше, чем у русских, в среднем 12% по доступным данным. Но это в подавляющем количестве "западные" сніпы, R1b-P312 и R1b-U106, "восточного" сніпа, или "сніпа ямников", у них в шесть раз меньше. Это видно по разным данным - по базам данных на сніп R1b-Z2103 у поляков приходится всего 2% от всех, и по данным YFull у поляков суммарно 54 носителей R1b, у которых определили глубокие сніпы, из них Z2103-Z2106 имеют всего 7 носителей. В Польше нашли еще R1b-L51, это вышестоящий сніп к P312/U106, но его всего 0.3% от всех, а в таблице YFull его вообще нет. Возможно, у этих 0.3% он просто недотипирован, хотя могут быть и случайные носители.

[Анатолий А. Клёсов 25 мар 2023 в 8:56](#)

Уважаемые комментаторы,

Напоминаю, что это Прямая Линия, и не стоит сюда помещать комментарии о Красовском. Для этого есть множество других сайтов, у нас все-таки есть своя специфика. Здесь идет информация, которой на других сайтах нет. Поэтому комментарии о личности Красовского сняты.

[Leonardo Glasper 26 мар 2023 в 14:30](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, я внимательно изучил подкасты с Вашим участием на ДеньТВ. Основываясь на том, что R1b и R1a имеют общего предка, но тем не менее это разные рода, которые вели отличный друг от друга образ жизни и как мы знаем R1b уничтожали коренное население там, где они проходили, а также на протяжении 5000 последних лет R1b были нападающими на R1a (битва у реки на севере Германии), а также судя по всему создателями норманнской теории были именно R1b, те же "легендарные" Байер Миллер и Шлёцер поскольку они были немцами очевидно были потомками R1b.

Так вот, исходя из вышесказанного у меня появилась идея, а что если те Ваши яростные критики, готовые любой ценой отвергать ДНК-Генеологию - т.е. инструмент, объективно показывающий кто есть кто и опровергающий все русофобские теории, а также показывающий кто действительно был потомков Русских людей на самом деле также являются потомками R1b? И вообще всех отрицательно настроенных на Россию. Мысль такая что может быть стоит донести до наших патриотов находящихся у власти, что возможно стоит провести днк анализ всем тем, кто желает зла России и всячески способствует её угнетению, тем же академикам РАН, яро отстаивающих норманнскую теорию (кстати как

Вы сами говорили - самым ярким сторонником норманнизма является человек по имени Клейн, что указывает на его R1b происхождение, а отсюда и приверженность к норманнизму) и просто выявить а кто есть кто , скажем если мы нашли людей у которых как и всех :

- Около 50% R1a
- Часть I2a
- Часть N1a1

То возможно с полной уверенностью сказать что это наш человек. Таким образом мы можем проверить всех наших политических деятелей. Если скажем найдётся человек с явно выраженной R1b, то и все его слова и действия направлены против русского народа (например отстаивание норманнизма), зачем он нам нужен в нашей стране? Возможно стоит этого человека просто изгнать как минимум с должности. Есть брать пример с евреев, то мы знаем как они тщательно подходят к тому, чтобы определить является ли человек действительно евреем, и если он таковым является, то ему разрешают гражданство Израиля. Почему бы нам не применить такой замечательный инструмент, как ДНК - Генеалогию, чтобы очистить нашу страну от её явных врагов, в том числе находящихся как в научной сфере так и в политической. И нас не должно интересовать что будут думать по этому поводу так называемые демократические страны, поскольку они также являются потомками R1b. И возможно даже стоит укреплять отношения не по принципу "Восток -Запад" а по принципу нахождения R1a во всем остальном мире. Нашими политическими союзниками могут стать все "R1a страны" - мусульманский мир, Индия и т.д. Если уж многие исторические события происходят по генетическим причинам то стоит развернуть наши взгляды в сторону наших собратьев ? Ведь такая концепция будет выгодна всем R1a , разве не так ?

Мы ведь прекрасно знаем что всё это генетическая память , примеры:

- Разделение Германии на западную и восточную и как мы видим на карте разделение идет по принципу принадлежности к R1a и R1b
- Так называемая линия между Западной Европой и Восточной Европой, прочерчена от Балтики до Адриатики - тот же принцип - принадлежность к R1a и R1b.

То есть мы также с большой достоверностью можем сказать, что R1b настроен очень враждебно и это показывает история.

Вопрос: Что Вы думаете по этому поводу?

[Анатолий А. Клёсов 26 мар 2023 в 16:28](#)

Уважаемый LG,

Судя по канве Вашего комментария, не сомневаюсь, что Вами движут патриотические намерения. Но это тот самый случай, когда такие намерения доводят до абсурда. Или, как гласит хрестоматийное выражение, благими намерениями устлана дорога в ад.

Вы исходите из того, что я действительно рассказывал, что племена носителей R1a и R1b многие тысячелетия продвигались по Евразии раздельно, и это наложило отпечаток на их поведенческие особенности, и, вполне возможно, многие эти особенности сохранились до настоящего времени. Но это не генетика, как многие путают. В отношении генетики люди на планете практически идентичны более чем на 99%, у нас всех практически идентичные сердце, легкие, печень, почки, селезенка, кроветворная система, и сотни и тысячи других органов и тканей. Но даже при сходстве на 99.9% мы различаемся своими ДНК на 3 миллиона нуклеотидов друг от друга, и это объясняет, что мы все выглядим немного по-другому – цвет волос, кожи, глаз, форма носа и черепа, строение зубов и так далее, за что эти три миллиона нуклеотидов отвечают. Но если перейти на R1a и R1b (например), то никаких систематических различий у нас нет. Тем не менее, в мире живут множество этносов и этнообразований, которые поведенчески и другими особенностями отличаются друг от друга. Типичный пример – медлительные эстонцы, быстро бегающие эфиопы, футбольные лидеры бразильцы, особенно развитые ныряльщики азиатских стран, невозмутимые американские «индейцы» и горячие испанцы и итальянцы, пунктуальные немцы, «финансово ориентированные» евреи и так далее. Тем не менее, в генетике всего народа это не выражено, это результат образа жизни на протяжении многих поколений, а то и тысячелетий.

Так и у носителей гаплогрупп R1a и R1b – определенные «групповые» поведенческие различия есть, но их нельзя переносить индивидуально, на конкретных людей. Поэтому репрессировать отдельных людей только потому, что они принадлежат к такой-то гаплогруппе – это граничит с фашизмом. Это в юриспруденции называется «коллективная ответственность», и тех, кто это педалирует, тем более действием, преследуют по закону. Проводить ДНК-тестирование только для того, чтобы репрессировать представителей конкретных «представителей», это по сути то же самое, что измерение черепов с целью последующих репрессий тех, у кого череп попадает (или не попадает) под определенные показатели. Это – преступление против человечности. И против человечества.

Ну, и по отдельным Вашим «положениям». (1) Создатели норманской теории могли вполне иметь гаплогруппу I1 или любую другую, далеко не

обязательно R1b. (2) У немцев примерно 25% - гаплогруппы R1a. (3) Наиболее крикливые противники ДНК-генеалогии, если перейти на персоналии, были (или продолжают быть) евреями, у них далеко не обязательно R1b, а, скажем, Боринская и Балановская – у них вообще нет мужской гаплогруппы, вот такая незадача. (4) Наиболее крикливые враги России – тоже необязательно носители R1b, хотя англичане, испанцы и французы – в основном имеют (мужчины) R1b, но и друзья России из тех же стран тоже в основном имеют R1b. В этих странах от 60% до 85% - носители R1b (мужчины).

Таким образом, Ваш текст фундаментально порочный. И с научной, и с общечеловеческой, и с этической точки зрения. Врагов России надо репрессировать, никаких возражений нет, от тюремного заключения до физической ликвидации, особенно на поле боя, но не по критериям гаплогрупп.

[Алексей Трухин вчера в 3:21](#)

Категорически поддерживаю Вашу позицию, уважаемый Анатолий Алексеевич!

[Анатолий А. Клёсов вчера в 16:11](#)

Уважаемый LG,

Ставлю здесь инициалы, потому что это скорее Ваш ник, а обращаться к развернутому нику со словами "уважаемый" рука не поднимается. Как-то здесь появился персонаж по имени "мерзкий заяц", но назвать его "Уважаемый мерзкий заяц" рука у меня тоже не поднялась. Так что у каждого из нас - свой выбор, у одних выбор ника, у других - как к нику обращаться.

Вопрос о лимите вопросов здесь не ставился, это - на совести задающего вопросы. Когда некто заполняет все пространство своими вопросами, то вопрос решается индивидуально. Важно видеть, вопросы востребованы аудиторией, или практически нет, банальны или умны, повышают эрудицию аудитории, или нет. Надо подчеркнуть, что если исходный вопрос задан неудачно, то неуместно в следующем сообщении начинать пояснять, что вопрос имел в виду другое. Это пояснения снимаются, как снято Ваше пояснение после предыдущего вопроса.

1. У человека не может быть "половина R1a". Эти числа означают, что из выборки в России 50% имели R1a, из выборки на Украине 45% имели R1a, и из выборки в Белоруссии 50% имели R1a. Если в выборке в России 5% от всех имели R1b, то сообщается, что в данной выборке 5% R1b. И так по каждой гаплогруппе. Если в другой выборке в России 48% имели R1a, то

сообщается, что по двум выборкам в России имеется 48-50% R1a.

> это значит что из 1000 человек 510 - будут иметь R1a, 200 человек - I2a, и 150 человек N1a1.

Да, это правильно. Соответственно, доли равны 51%, 20% и 15%.

[White Pegasus сегодня в 16:15](#)

Добрый день, Анатолий Алексеевич и Игорь Львович! Поясните пожалуйста следующий вопрос (снова несколько касающийся "африканской теории").

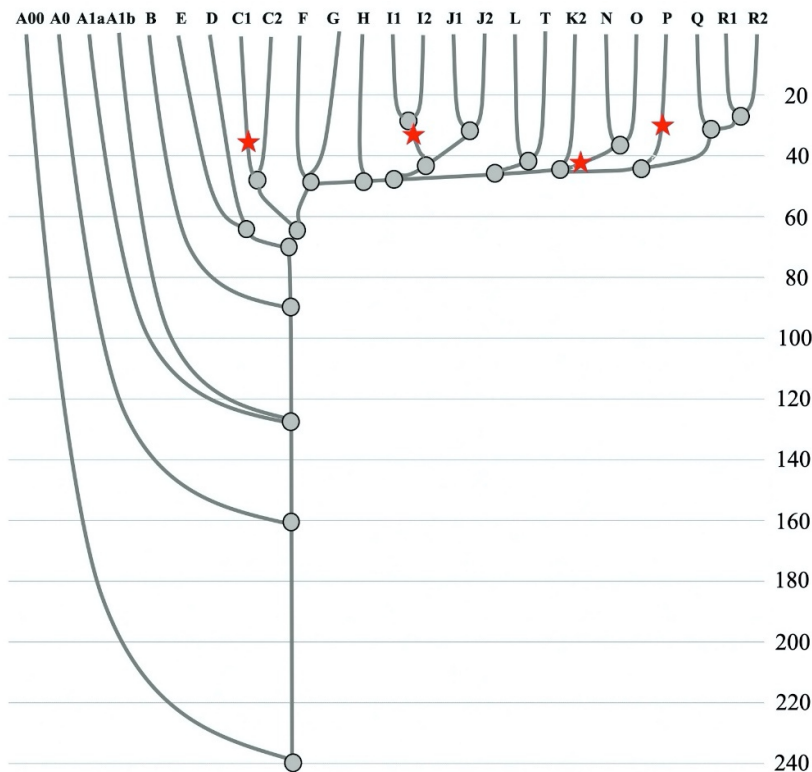
Вот, сказано, что гаплогруппы А и В тупиковые. Я это понял таким образом, что все прочие: С, D, Е и остальные напрямую из А и В не выводятся. То есть, они все имели общего предка когда-то примерно 300 тыс лет назад, который жил неизвестно, в какой части света, но непосредственно В не происходит от А, а С, D, Е и т.д. не происходят от А и В.

Правильно я это изложил?

Если плюс-минус правильно, то не могли бы вы пояснить, что означает факт того, что С, D, Е + не происходят напрямую от А и В? А от кого они тогда происходят? Какое-то потрянное звено? Другой смежный вопрос: а существуют ли свидетельства, что В произошло от А? Опять же, если нет, то не наблюдаем ли мы тогда факт трёх, по сути, независимых источников происхождения всего человеческого населения, а именно: одни от А, другие от В, и наконец третьи – ото всех остальных? Я извиняюсь, что путанно излагаю – это очень интересная, но сложная для постижения наука.

[Игорь Рожанский сегодня в 18:43](#)

White, гаплогруппа А - это устаревшая терминология. В текущей версии дерева Y-хромосомных гаплогрупп (см. прикрепленную схему) она отсутствует. Есть гаплогруппы А00, А0 и А1, в которых буква А - дань традиции, а не знак, что они являются ветвями одной и той же гаплогруппы. Их можно легко переименовать, скажем, в Х, Y и Z, ничего не изменится. Подробнее все это объяснит Анатолий Алексеевич.



[Анатолий А. Клёсов 28 мар 2023 в 19:58](#)

Уважаемый WP,

В целом Вы понимаете правильно, хотя, как Вам пояснил Игорь Львович, гаплогруппы А как таковой в классификации гаплогрупп давно нет. То, что считали в ранних исследованиях как «А», оказалось серией гаплогрупп, которым по традиции (или в силу отсутствия фантазии) по мере получения данных присваивали «А с хвостиком». Но Ваш вопрос я воспринимаю не как привязанный к номенклатуре, а как «концептуальный». Чтобы на него ответить правильно, надо понимать, как появляются новые и новые гаплогруппы Y-хромосомы, это мужская половая хромосома ДНК. Для этого надо знать, что гаплогруппы появляются по мере появления необратимых мутаций, которые передаются в потомках до настоящего времени. Это – современные гаплогруппы. Есть, впрочем, в расширенной классификации условные гаплогруппы, носители которых не дожили до настоящего времени, это – денисовец и неандерталец. Их условно и обозначили в классификации, как A0000 и A000. Традиция здесь не при чем, просто так назвали, но уже даже любителям ясно, что буква А здесь никакого отношения к «Африке» не имеет, как не имела и в любых названиях гаплогрупп с буквой А. Ни денисовец, ни неандерталец в Африке обнаружены не были.

Но поскольку и денисовец, и неандерталец имеют геномы (те, которые

выделили и частично изучили), которые в огромной степени совпадают друг с другом и с геномом человека, а также с геномом шимпанзе, который уже не человек, но примат, как и денисовец, неандерталец и человек, то ясно, что все они результаты эволюции от каких то древних общих предков, причем именно общих для всех четырех приматов, а также для гориллы, орангутана и макаки. Все это описано в неплохих деталях в моей книге «Ваша ДНК-генеалогия» (М., Концептуал, 2016, стр. 26-39). Там же приведены фрагменты митохондриальных геномов представителей современного человека, а также денисовца, неандертальца и шимпанзе, которые и показывают это вполне близкое сходство. Чтобы быть конкретным, замечу, что в каждом случае я привел по 1200 нуклеотидов, и для такого количества нуклеотидов денисовец отличается от неандертальца всего на 36 мутаций, и там же я рассчитал, что при скорости мутаций, которую мы используем для расчетов для гаплогрупп и субкладов Y-хромосомы, общий предок денисовца и неандертальца жил примерно 600 тысяч лет назад. В общем, это неплохой результат, который разумно стыкуется с хронологией, даваемой антропологами для денисовца и неандертальца.

Если сравнить современного человека и неандертальца, то между ними на 1200 нуклеотидах имеется всего 27 мутаций, то есть их общий предок жил примерно 450 тысяч лет назад. Тоже неплохая оценка.

А если сравнить современного человека и шимпанзе, то между ними на всех 16554 нуклеотидах мтДНК есть 1462 мутации, что соответствует тому, что их общий предок жил примерно 3.5 миллионов лет назад. И это попадает в обычный диапазон времен, который дают антропологи, но очень приблизительно, обычно между 3 и 5 миллионов лет назад.

Как видите, здесь отражены несколько важнейших положений – о принципиальной достоверности эволюции человека (хотя в сети пруд пруди болтунов, которые отрицают эволюцию), и о принципиальной достоверности значений констант скоростей мутаций, которые работают и в настоящее время, и на миллионы лет вглубь времен.

Вот такое предисловие к вопросу о том, что «они все имели общего предка когда-то». Да, имели, и ДНК-генеалогическая цепочка проходит от него до носителей современных гаплогрупп. Теперь ближе к тому, что такое «тупиковые гаплогруппы». Они тупиковые только в том отношении, что от них другие основные гаплогруппы современной номенклатуры не происходят. Внутри себя они, конечно, «отпочковывают» все новые и новые субклады, но все это субклады имеют основную необратимую мутацию той гаплогруппы, в пределах которой они «почкуются».

Так вот, откуда-то из глубин времен, где уже «отпочковались» денисовец и неандерталец, которые тоже оказались «тупиковыми» в буквальном

смысле, потому что вымерли, примерно 220-240 тысяч лет назад «отпочковались» гаплогруппы, которые назвали A00 и A0-T. Первая оказалась тупиковой, но не вымерла, а потому что все ее потомки имеют в своих Y-хромосомах мутацию гаплогруппы A00. От нее никакие другие гаплогруппы не произошли, потому и тупиковая. У тех, кто читает этот текст, мутации A00 с хорошей вероятностью нет. Но есть мутация «параллельной» ей A0-T. Характерно, что в Африке таких не нашли, кроме тех, кто в Африку перебрался с других континентов.

От A0-T отпочковались две гаплогруппы, A1 и A1b. A1b – тупиковая, ее потомки и сейчас живут во множестве в Африке, но из A1b никакие другие гаплогруппы не образовались. А вот A1 – не тупиковая, из нее дальше образовались A1a и A1b. A1a – тупиковая, ее имеют множество африканцев, но никакие другие гаплогруппы из нее не образовались. Некоторые носители A1a перебрались на Аравийский полуостров, но так A1a и остались. А вот A1b – не тупиковая, но ее в Африке не нашли. Из нее образовались A1b1 и BТ, причем A1b1 опять же тупиковая, ее имеют множество современных африканцев, и потомки прежних африканских рабов вне Африки, но никакая гаплогруппа из нее не образовалась, только субклады той же гаплогруппы. BТ в Африке не нашли, они все живут за пределами Африки, включая тех, кто читают этот текст.

Из BТ образовались гаплогруппы B и CТ, B – тупиковая, в основном в Африке и там, куда они перебрались, но таких относительно немного. CТ дала все остальные гаплогруппы в классификации, включая и те, которые имеют практически все мужчины, граждане России.

Как видите, никаких «потерянных звеньев» нет. Нет и «независимых источников» происхождения современного человечества.

[Вячеслав Золотухин 29 мар 2023 в 4:25](#)

Добрый день, уважаемый Анатолий Алексеевич. Прочитав Ваш последний ответ, возникли еще уточняющие вопросы. 1. Когда, при каких условиях, на каких основаниях, если угодно)), какая-то мутация получает статус гаплогруппа, а какая-то нет? Например, в тупиковых гаплогруппах происходят же мутации, но они остаются только субкладами и их не выделяют в гаплогруппы. А например, гаплогруппы R1a и R1b уже получили "звание" гаплогруппы, хотя они же и являются также субкладами. 2. В вашем ответе обратил внимание, что носители большинства тупиковых гаплогрупп живут в Африке. Почему так вышло? Случайность? Или есть какой-то научно-обоснованный ответ или предположение? 3. Если можно немного личный вопрос: вам по роду деятельности приходится много читать, владеете ли вы техниками скорочтения? Есть ли у Вас какие-то специальные приемы по работе с

большими объемами информации? Если есть, поделитесь пожалуйста хотя бы в кратце .

[Анатолий А. Клёсов 29 мар 2023 в 7:36](#)

Уважаемый Вячеслав,

Статус гаплогруппы она получает при условии, что в ее начале стоит «узловая» мутация, которая определяется у множества человек. Это относится и к Y-хромосоме, и к мтДНК. Это множество для основных гаплогрупп оценивается в сотни миллионов человек, но может быть названо гаплогруппой и у немногих, если у них есть своя «узловая» мутация, отличная от других гаплогрупп. Например, в США 11 лет назад был идентифицирован единственный мужчина, который не подпадал ни под одну гаплогруппу, то есть он шел «параллельно» всем остальным мужчинам планеты, хотя и явно имел с ними общего древнего предка, как показало определение его гаплотипа. Его условно отнесли к «гаплогруппе A00», и к настоящему времени к той же гаплогруппе отнесли – после экспериментального исследования – несколько десятков человек, а по оценкам их должно быть не менее нескольких десятков тысяч в нескольких африканских (по современному месту обитания) племенах в Камеруне. Помимо того, в Камеруне же нашли несколько ископаемых костей древних людей с датировками 8000 и 3000 лет назад, с гаплогруппой A00. В итоге гаплогруппа A00, как и A0 с подобной историей находок, заняли свое место в номенклатуре гаплогрупп.

Название «гаплогруппа», как и «субклад» используются почти в равной степени. По сути, каждый субклад тоже является гаплогруппой, у каждого субклада есть своя «узловая» мутация, но есть и «узловая» мутация основной гаплогруппы, к которой субклад относится. Субклад – это ветвь гаплогруппы, хотя и гаплогруппы – тоже ветви, только более высокого уровня в номенклатуре. Это как с ветвями дерева, толстые – ветви, но и тонкие – тоже ветви, и трудно найти принципиальную разницу между ними, кроме размера, который мы произвольно присваиваем им и промежуточным по размеру ветвям. Так и с субкладами – те, которые мы часто обсуждаем и придаем особенную значимость в контексте обсуждения, называем «гаплогруппами», например, E1b, G2a, I1a, I2a, J1, J2, N1a1, R1a, R1b. Сами основные гаплогруппы ведь тоже «ветви», если посмотреть на дерево гаплогрупп.

Тупиковые гаплогруппы все имеют свою «узловую мутацию», и все расходятся на субклады, но из них другие гаплогруппы не образуются.

>носители большинства тупиковых гаплогрупп живут в Африке. Почему так вышло?

Это неверно. Напротив, большинство гаплогрупп в их современной классификации являются тупиковыми, в том числе D, E, C, G, H, I1, I2, J1, J2, L, T, M, S, Q, R1a, R1b, R2, N, O. В этом отношении Африка ничем не отличается.

[Анатолий А. Клёсов 29 мар 2023 в 7:57](#)

>Личный вопрос. Вам по роду деятельности приходится много читать, владеете ли вы техниками скорочтения? Есть ли у Вас какие-то специальные приемы по работе с большими объемами информации?

Это зависит от важности текста. Если он важен, я обычно читаю медленно, порой по несколько раз одни и те же места, осмысливая их, перекачивая в восприятие слова и фразы. Если не важен, то либо не читаю, либо бегло проглядываю, выхватывая значимые для меня слова. Тогда могу останавливаться, переходя на медленное чтение. Но у меня есть некая «фотографическая память», на которую преподаватели еще на первом курсе университета обращали внимание, причем не только у меня, а у многих студентов в ходе сдачи зачетов. Они нас упрекали, что мы не схватываем материал по сути, а просто его «фотографируем» одним взглядом. Это, наверное, вырабатывается именно при работе с большим объемом информации. Например, когда проглядываю оглавления научных журналов, я «сканирую» названия статей, а их много в каждом номере, по доле секунды на название статьи, и оперативное сканирование за эту долю секунды выхватывает знаковые слова из названия, тогда приостанавливаюсь и смотрю, нужно ли это мне. Думаю, что это обычное дело для многих, просматривающих много литературы или большие тексты.

То же и при просмотрах «ленты новостей», доля секунды на сообщаемую «новость», из которых редко выхватываются слова, которым моя ментальная оперативная система автоматически присваивает статус «важных». Смысл остальных – «а нужно ли это мне читать?» Как правило, сигнал «не нужно». А из таких, ненужных, и состоит почти вся лента новостей. Тоже, думаю, ничего необычного в таком моем «сканировании» нет, неужели есть такие, которые безразборчиво читают все «новости»?

[White Pegasus 29 мар 2023 в 11:51](#)

Если вы не против, я задам ещё один интересный для меня вопрос, вытекающий из предыдущего. Вот, я смотрю сейчас на эту временную диаграмму возникновения гаплогрупп, которую Игорь Львович привёл выше. А вопрос такой: вот сам "ствол" этого дерева менялся ли по ходу времени?

То есть, что я имею ввиду? Вот есть общий "ствол". От него вначале

отпочковывается допустим денисовский человек. Затем через какое-то количество тысяч лет от него же отходит неандерталец. Ещё далее уже отделяется гаплогруппа A00, потом A0 и так далее. А сам "ствол" между этими отпочкованиями тоже менялся или так и оставался неизменным? Я сам-то подумал, что наверняка менялся, иначе придётся признать, что гоминид, живший на Земле 300 тыс лет назад, обитал ещё и 70 тыс лет назад (в момент глобальной катастрофы) и что от этого-то древнего гоминида затем и произошли все современные гаплогруппы от E и моложе. Но возможно ли подобное? И если это вправду так, то что же это был за гоминид? И как ему удавалось так "заморозиться" на протяжении сотен тысячелетий? То есть, наверное, всё-таки он менялся и "ствол" 200 тыс лет назад отличается от "ствола" 100 тыс лет назад.

Но это я как бы сейчас просто фантазирую, а что можно сказать по этому поводу с точки зрения научных данных? Действительно менялся "ствол"? Или же...? тогда картина делается какой-то совсем головокружительной. Впрочем, мало ли?

[Анатолий А. Клёсов 29 мар 2023 в 18:48](#)

Уважаемый WP, то, что Вы принимаете за «ствол» - это не ствол или не тот ствол. Подумайте о цепочке Ваших предков по мужской линии за последние, скажем, 400 лет, это примерно 13-16 поколений. Это - «ствол», поскольку предки прямые. Как Вы думаете, этот ствол «менялся ли по ходу времени»? Разумеется, нет. Это - непрерывная цепочка поколений, она фиксирована в поколениях и во времени. От нее, конечно, отпочковывались девочки, или умершие мальчики, не давшие потомства. Но цепочка мужских поколений не прерывалась, иначе Вас бы не было на свете.

>иначе придётся признать, что гоминид, живший на Земле 300 тыс лет назад, обитал ещё и 70 тыс лет назад

Не сам «гоминид», а его прямые потомки.

[Андрей Рыжов 30 мар 2023 в 4:26](#)

Мне кажется White Pegasus имел ввиду следующее. Почему между разделением в точке, где на схеме Игоря Львовича, отходит A00 и точкой, где отходит A0 прошло 80 тысяч лет. И складывается ощущение, что никаких изменений не происходило. Когда я только познакомился впервые с Вашими работами меня тоже смущал этот факт. Потом то я в итоге разобрался. Можно ли ещё раз прояснить этот момент? Мне кажется многим будет ещё раз интересно это услышать.

[Алексей Трухин 29 мар 2023 в 12:42](#)

Добрый вечер (у нас тут), Анатолий Алексеевич! Вот "настоящий академик", член-корр. РАН, директор Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН А.Кудрявцев заявляет: "... в прошлом продолжительность жизни людей достигала 900 лет, а мутации, вызывающие генетические болезни современного человека, связаны с грехами — первородным, и «личным»... (Пленарное заседание III международной научно-богословской конференции «БОГ — ЧЕЛОВЕК — МИР». 14.03.23), - и эти люди объявляют ДНК-генеалогию "лженаукой"? Просто "фильтруем"?

[Анатолий А. Клёсов 29 мар 2023 в 18:52](#)

Уважаемый Алексей,

Какой институт, такой и директор. У человека проблемы, пожалуй надо, а не институт давать возглавлять.

Кстати, давно в научном сообществе принято, что библейские датировки патриархов в древности измеряли не в годах, а в месяцах. Тогда 900 "лет" - это 75 лет. Нормально пожил.

[Игорь Алексеев 29 мар 2023 в 12:43](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Цезарь указывает, что в Галлии три различных языка. Какой же язык у белгов? Есть ли у Вас какая-либо работа в деталях описывающая переход эрбинов на ИЕ языки? Как эрбины Азии перешли на ИЕ языки? Известны ли неИЕ этнонимы эрбинов?

[Игорь Рожанский 29 мар 2023 в 19:03](#)

Я в интерпретациях даю для Y-хромосомных линий аналогию с записью в свидетельстве о рождении с уточнением, что в него вписан биологический отец. Стиль и почерк в документе меняется при продвижении в глубь эпохи, но цепь никогда не прерывается. Может быть, так будет доходчивее для тех, кто постоянно путается в определении гаплогрупп?

[Анатолий А. Клёсов 29 мар 2023 в 19:08](#)

>Какой же язык у белгов?

Уважаемый Игорь, мне бы Ваши заботы... Не поделитесь, зачем это Вам?

Во всей Европе до примерно начала I тыс до н.э., то есть до примерно 3000 лет назад (ну, может на пару столетий ранее) были распространены до-индоевропейские языки. Их насчитывают несколько десятков, среди них, например, пиктский, тирренские языки, иберский, этрусский, древний баскский и так далее. Часть этих языков были коренными древнеевропейскими, часть развились из языка эрбинов (язык басков, например). Они были и в Галлии, но в Галии в конце прошлой эры были и индоевропейские языки, в первую очередь языки носителей гаплогруппы R1a, которых в Галлии было множество. Так что у белгов были или ИЕ языки, или продолжали еще быть до-ИЕ языки, в их динамике. Какие именно - вряд ли это Вам это кто скажет, да Вам и не нужно. Тем более "в деталях", как Вы запрашиваете.

Если Вы спросите это у лингвистов, то Вам скажут, что белги были бесписьменные, и потому разговора нет. Лингвистам нужны лексемы, морфемы, фонемы, леммы, корни и прочее, а если нет - то ничего не скажут.

Как эрбины перешли на ИЕ языки? Быстро перешли. Посмотрите на карты "распространения кельтов в Европе", они заполонили всю Европу как лесной пожар, за несколько столетий. Люди так не распространяются, это распространялся ИЕ язык, язык кельтов. Как в деталях? Опять же, мне бы Ваши заботы...

Если условно принять, что белги были предками бельгийцев, то... а ничего, не поможет.

[Михаил Степанов 30 мар 2023 в 3:57](#)

Добра Вам Анатолий Алексеевич!

Михаил Тула пишет вам. Буду краток, смотрел последнее в нете, программа, где вам задавали вопросы. Суть - очень понравилось. Спасибо большое за ваш труд, исследование. И в ней вы ответили на вопрос, что не знаете где появились языки, место. Там же на радио в 94 году слышал про найденное в красном море войско фараона, а конкретно - колесницы. Интересный ФАКТ, и ответ к началу письма если знаете я рад, если нет будете знать - разделение языков началось на территории современного Ирака - Вавилонская башня, об этой находке я так-же узнал из радио программы.

В конце добавлю много фальши в интернете под вашим видом. С уважением Михаил Тула, Россия.

[Сергей Кудашоа 30 мар 2023 в 6:36](#)

Михаил, Анатолий Алексеевич уже неоднократно заявлял в разных роликах в какой группе он отвечает на вопросы. С 2017 года здесь.

[Игорь Алексеев 30 мар 2023 в 9:15](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Цель, как у всех любителей истории — докопаться до истины. Вся гипотеза о переходе эрбинов на ИЕ языки строится на отсутствии ИЕ языков на путях миграций и басках? А если в местах миграций они служили более развитым цивилизациям, а в Европе перешли на не ИЕ язык своих хозяев, то вся теория рухнет?

[Анатолий А. Клёсов 30 мар 2023 в 11:42](#)

Уважаемый Михаил,

Есть принципиальная разница между наукой, с одной стороны, и байками, рассказами, фантазиями, мифами, с другой стороны. В науке исследования и их результаты проводятся и излагаются по определенному протоколу, согласованному и утвержденному людьми, работающими в науке. Так же и в спорте – когда Вы выходите на беговую дорожку или играете в команде, или выходите на помост или в ковер тяжелой атлетике – Вы по умолчанию согласны с правилами соревнований. Вы не можете свернуть с беговой дорожки по время забега, пересечь стадион и снова выбежать на дорожку и продолжить бег. Не можете не потому, что не умеете, а потому что спортсмены за всю свою жизнь в спорте впитали обязательство придерживаться правил соревнований. Так и в науке – ученые за всю свою жизнь в науке впитали определенные правила, а именно что исследования проводятся по заранее согласованной методологии, то есть набору правил и приемов исследования, что все результаты исследования должны быть проверяемы другими исследователями, что все результаты должны быть проверены и перепроверены, они должны быть обоснованы, и что результаты и выводы исследования должны быть опубликованы по определенному протоколу, который обязан быть воспроизводимым другими исследователями. Разумеется, есть нарушители, а где их нет?

Так вот, я не раз объяснял здесь, в этом ресурсе, что Библия – это не научный источник. Она изложена не по научному протоколу научных публикаций. Почти все сведения там – не проверяемы, и не могут быть повторены или воспроизведены. Библия – это свод легенд, мифов, рассказов. Это очень важный источник воспитания миллионов и миллиардов людей, это во многом ориентир для поведения людей, Библия была букварем для миллионов и миллиардов людей, и это бесценный религиозный, литературный, этический и эстетический

документ. Как и Коран, как и другие главные религиозные книги. Но это, повторяю, не научный источник.

Когда Вы пишете, что знаете место, где появились языки, и ссылаетесь на Библию, что это место строительства Вавилонской башни, то Вы должны понимать, что это не научное свидетельство. Это – рассказ, легенда, миф, которые не проверяемы. В науке этого нет. Поэтому не стоит цитировать Библию для ответов на научные вопросы, Библия не для того.

Поясню. По соображениям ряда библейских книжников, Вавилонскую башню начали строить примерно 4800 лет назад, в междуречье Тигра и Евфрата. И, согласно Библии, у всех в те времена был один язык: «На всей земле был один язык и одно наречие». Бытие, 11, 1.

Но наука говорит о другом – 4800 лет назад, и вообще в те времена на Земле никак не мог быть один язык. В Австралии люди появились 50 тысяч лет назад, в Америке – 15-20 тысяч лет назад, в Костенках на Русской равнине (названия современные) люди жили 40 тысяч лет назад, и они вряд ли были немыми, 4800 лет назад на Пиренейском полуострове образовалась археологическая культура колоколовидных кубков, на территории современной Архангельской области 12 тысяч лет назад была археологическая культура веретье, а на островах будущей Японии 13 тысяч лет назад была археологическая культура Дземон, и так далее. Понятно, что эти люди в разных концах планеты никак не могли говорить на одном языке (и на одном наречии). Пока они добирались до своих территорий, языки уже сильно изменились бы.

Так что отнеситесь к этой истории из Библии как к интересному рассказу, не имеющему никакого отношения к реальности. И ничего в этом плохого нет, даже дети любят сказки, и это не мешает им вырасти достойными людьми, а, возможно, и помогает.

А наука на вопрос, где впервые появились языки, ответа не дает. Не знает. И вообще это связывают со строением гортани, а она менялась в ходе эволюции, и когда языки стали «языками» - и было ли это в одном месте, или в разных на планете, наука тоже не знает.

И еще – в этом ресурсе задают вопросы, а не рассказывают про себя, когда служил и какие передачи слушал. Поэтому эту лирику пришлось удалить. Будем считать, что Вы задали вопрос – как воспринимать то место из Библии, где рассказано про строительство Вавилонской башни и про то, что у всех людей на Земле был одинаковый язык. А вот так и воспринимайте, как не имеющее отношения к науке.

>там же на радио в 94 году слышал про найденное в красном море войско фараона, а конкретно - колесницы. Интересный ФАКТ.

Вы путаете понятие «факт» и байки по радио. Насколько мне известно, ничего из этого найдено не было, это завлекательные фантазии.

>много фальши в интернете под вашим видом

Да, есть такое, и много, действительно. Да что там я, и В. Путину приписывают огромное количество фальши. Вы думаете, он расстраивается? Места себе не находит?

[Анатолий А. Клёсов 30 мар 2023 в 12:01](#)

>Почему между разделением в точке, где на схеме Игоря Львовича, отходит A00 и точкой, где отходит A0 прошло 80 тысяч лет. И складывается ощущение, что никаких изменений не происходило.

Уважаемый Андрей,

Изменения, конечно, происходили, просто мы о многом пока не знаем. Необратимые, или снип-мутации в Y-хромосоме происходят в среднем раз в поколение, поэтому за 80 тысяч лет должны были произойти десятки тысяч снип-мутаций. Но с носителями гаплогрупп A00 и A0, да и вообще с современными жителями Африки пока работают мало. Есть еще причина - древние носители этих гаплогрупп по всей видимости массово погибали, и их снипы утрачены. Яркий пример к тому дают носители гаплогруппы I1, которая образовалась 160 снип-мутаций, или примерно 23 000 лет назад (по данным YFull 27 500 лет назад), но первый же снип после этого провала образовался всего 4600 лет назад. Все остальные - как корова языком слизнула. Последняя датировка - это времена геноцида коренного населения Европы носителями колоколовидных кубков (в основном R1b-P312) в ходе заселения ими Европы. Обычно считается, что вся цепочка снипов должна оставаться, если кто-то выжил. Но мы видим, что в данном случае не осталась. Так что мы еще многого не знаем.

[Анатолий А. Клёсов 30 мар 2023 в 12:47](#)

Уважаемый Игорь,

Начнем с того, что цель у любителей истории (да и вообще в науке) - не "докопаться до истины", эта цель откровенно нереальна. В науке истины нет, во всяком случае в развивающихся направлениях науки. Есть цель выяснить наиболее обоснованный, наиболее сбалансированный ответ, наиболее оптимизованный среди множества противоречивых "ответов". И если это понимать, то задачи приходится ставить более скромные, а не как пишут многие - "хочу знать в деталях" про историю древнего мира.

Вы в своем вопросе сразу перескочили на басков и на переходе эрбинов

на ИЕ языки. Но есть смысл вопрос разделить, или отойти на тысячелетия дальше в историю. Тогда вопрос был бы такой - откуда мы взяли, что у эрбинов с самого начала, с времен образования гаплогруппы R1b почти 20 тысяч лет назад, и в ходе их миграций со стороны южной Сибири, не было индоевропейских языков? Это вопрос риторический, никто и не полагает, что они у эрбинов на этом пути были, никто не помещает образование ИЕ языков в Сибирь. Просто потому, что к этому нет никаких данных.

Но тогда следующий вопрос - какие языки у эрбинов были в ямной культуре? Ответ тоже прост - если со стороны Сибири они шли с не-ИЕ языками, то пришли в ямную культуру (5300-4600 лет назад) тоже, надо полагать, с не-ИЕ языками. Вопрос третий - тогда какие у них были языки? Часть лингвистов говорят - были индоевропейские, ссылаясь на старую гипотезу М. Гимбутас, у которой, на мой взгляд, не было вообще никаких реальных обоснований. Никто при этом не говорит, откуда, по какой траектории, ИЕ языки вдруг образовались у ямников? Сами по себе? Но языки сами по себе не образуются, должна быть траектория. Другая часть лингвистов хранит молчание. Приходится дать им подсказку - поскольку эрбины шли со стороны алтайского региона (южная Сибирь), региона гипотетической алтайской (тюркской) языковой семьи, то эрбины говорили на вариантах агглютинативных, прото-тюркских языков. "Прото" - потому что тюркские языки относят к I тыс н.э., одни лингвисты - к началу тысячелетия, другие - к концу. Возможно, это те языки, которые С.А. Старостин назвал "дене-кавказскими" языками. В общем, назвать можно по-разному, суть дела это не меняет. Я назвал языком (или языками) эрбин. Тогда эта концепция многое объясняет - и почему американские "индейцы" говорят на сходных по структуре языках (у них гаплогруппа Q, родственная R и далее R1 и R1b), и почему на пути миграции эрбинов были те самые "дене-кавказские языки", и почему у шумеров подозрение на древние тюркские языки, и так далее.

В итоге приходим к тому, что начиная с 4800 лет назад эрбины прибывают в центральную и западную Европу, причем не из ямной культуры, не та линия гаплогруппы R1b. Но эрбины есть эрбины, с их агглютинативным языком эрбин, неиндоевропейским. Самая ранняя фиксация культуры колоколовидных кубков (эрбины) - это Пиренейский полуостров, там на севере в горах - баски, их гаплогруппа в большинстве R1b-P312. Язык - агглютинативный. Практически вся Европа говорит на не-ИЕ языках, немногие выжившие - на своих древних, большинство (с 4500-4200 лет назад) - на языке эрбин.

Прошло две тысячи лет, и вдруг центральная и западная Европа заговорила на индоевропейских языках, причем этот переход произошел за несколько столетий. Первые аттестованные ИЕ - это кельты, первая половина I тыс до н.э. Отсюда приходится сделать вывод, что ранние

кельты имели гаплогруппу R1a, типичную для ИЕ языков. Но переход явно осуществили эрбины, больше некому. С тех пор эрбины и заговорили на языках носителей R1a, индоевропейских. Тогда же ИЕ-эрбины двинулись на Апеннины, основали Рим, и это послужило мощным толчком для распространения ИЕ языков в Европе. А этруски все еще говорили на древних языках гаплогруппы G2a и на древних вариантах языка эрбин. Поэтому римляне и говорили - "этрuscoе не читается". Но через 500 лет с этрусками они полностью закончили. Англо-саксонская традиционная линия поведения.

В отношении Вашей последней фразы - понятия "если" в науке нет, тем более в варианте - если "если", то "теория рушится". Этак можно продолжить, а что если в Европу пришли австралийские аборигены, накурлесили там, и ушли обратно, и этим можно что угодно объяснить. Надо приводить данные, а не "если".

[White Pegasus 30 мар 2023 в 14:38](#)

Анатолий Алексеевич, мне немного неловко за свою непонятливость и многократное возвращение к одной и той же теме, но что-то не "въеду" я никак! Пожалуйста, ещё раз про "ствол".

Вот жил некий наш древний пращур. Он был даже не "сапиенс", ибо от него потом произошёл и денисовец и неандерталец, которые сапиенсами не являлись. То есть, сапиенс у нас, как бы, ещё впереди. И вот этот пращур живёт себе живёт и от него ответвляются в результате соответствующих мутаций сначала денисовский человек, затем неандерталензис, затем A00, затем A0, и прочие по списку. Но(!) сам пращур-то, выходит, всё также ещё сосуществует с ними в своей неизменной "до-сапиенсовской" форме, как он был 300 тыс лет назад! Вот все вместе они (а может быть и какие-то иные, не обнаруженные ещё ветви) так и живут на Земле вплоть до катастрофических событий 70 тыс лет назад. И только там пращур, как таковой, исчезает и посредством последовательных мутаций превращается в человека современного анатомического типа — сначала в E-D, потом в C, потом в F-G, и так далее до современных молодых гаплогрупп.

Правильно?

Но, как такое может быть? Тогда и ранние ответвления от "пращура" — A00, A0, и B — они получаются, как бы, не совсем "сапиенс", потому что прямо до них были денисовец и неандерталец, а коль скоро "ствол" не изменяется (то есть не эволюционирует сам в себе), то откуда этому "сапиенсу" взяться?

Вот здесь у меня какая-то закупорка в понимании процесса. Откуда

возник "человек разумный", если "ствол" неизменен, а раньше он рождал только "не разумных" человеков?

Допустим, можно предположить, что первый "сапиенс" — это мутация, приведшая к появлению A00. Но A00 ушёл в сторону. Он не родил современных людей (ну, кроме некоторых). Аналогично и A0 и B. Судя по схеме, последовательная цепочка эволюционной преемственности начинается только с уже посткатастрофической мутации, давшей начало E и D. То есть, мы — потомки тех, кто стоял в истоке E и D. Ну, а почему тогда A00 и A0 — тоже разумные люди и в принципе такие же, как мы, одного с нами вида?

Я прошу прощения — я совсем запутался и возможно пишу нечто крайне бредовое — но последний раз: нельзя ли немного пояснить процесс исторической эволюции "ствола" (из схемы) от периодов до отпочкования денисовца и неандертальца до рождения уже анатомически идентичных нам A00 и A0? Почему он вначале рождал вон каких, а потом, сам не изменяясь, неожиданно произвёл на свет уже вот какого? Снова спасибо, больше приставать с этим вопросом не буду!

[Анатолий А. Клёсов 30 мар 2023 в 16:37](#)

>И вот этот пращур живёт себе живёт и от него ответвляются в результате соответствующих мутаций сначала денисовский человек, затем неандерталензис, затем A00, затем A0, и прочие по списку. Но(!) сам пращур-то, выходит, всё также ещё сосуществует с ними в своей неизменной "до-сапиенсовской" форме, как он был 300 тыс лет назад!

Уважаемый WP,

Ход Вашей мысли мне положительно непонятен. Или отрицательно непонятен, выбирайте. Давайте рассмотрим аналогию. Был у Вас прямой предок по мужской линии, скажем, тысячу лет назад. Пусть будет именоваться пращур. От него ответвился сын, уехал на Киевщину, и дал там потомство. А может, и умер бездетным. А потомки пращура продолжают по прямой линии. Потом от его очередного прямого потомка ответвился очередной сын, уехал на Колыму, концы его там непонятны. И так далее, цепочка потомков не прерывается до настоящего времени. Дальше цитирую Вас – «но сам пращур-то, выходит, всё также сосуществует в своей неизменной форме, как он был тысячу лет назад».

Алё, гараж!

Дальше можно не продолжать, не так ли?

Нужно ли опять пояснять, что никакого пращура давно не осталось, но

продолжается цепочка снип-мутаций, которые уходят в сторону его потомков, которые передвигаются по разным местам проживания, у них происходят свои мутации, у каждого потомка свои, возникают ДНК-генеалогические ветви, расходящиеся в разные стороны, какие-то приобретают статус субкладов, но у всех их есть «узловая» мутация того древнего пращура. И катастрофические события были, кто-то «терминировался», кто-то выжил и продолжил свою цепочку мутаций дальше. Всё как у людей.

>Тогда и ранние ответвления от "пращура" – A00, A0, и B – они получают, как бы, не совсем "сапиенс".

Да, если ранние ответвления, да и прямые продолжения цепочки, то да, не сапиенс, до сапиенса надо дозреть, избавиться от архаичных антропологических признаков, а их десятки, и постепенно, за десятки и сотни тысяч лет перейти в сапиенса. А если перешел один, пусть частично, то его дети с его подругой-архаиком уже унаследуют что-то от сапиенса. И так опять десятками и сотнями тысяч лет постепенно разносят антропологические признаки сапиенса. Если бы мужчины жили одни и размножались почкованием, то никогда бы до сапиенса не добрались, но у них были подруги, которые очередного сапиенса в архаика превратят, и наоборот, архаика в очередного сапиенса, пусть частично. И вот таких размножений были миллионы и миллионы в течении десятков и сотен тысяч лет, шла гигантская лотерея, и в итоге что имеем, то и имеем. А имеем вариант далеко не идеальный, много наследственных болезней, аппендиксы разного вида, которые порой приходится вырезать, живут до 70-90 лет, редко дольше, а была бы лотерея лучше, или подруги лучше, да и сами не промах, жили бы в среднем до 120 лет, а то и дольше.

>почему тогда A00 и A0 – тоже разумные люди и в принципе такие же, как мы?...

Откуда Вы знаете, ведь никогда не встречались, не так ли? Может, они и поумнее, и по деревьям намного лучше взбегают? Вы же не указываете, когда – 160 тысяч лет назад, или сегодня? Если 160 тысяч лет назад, то никто не знает, насколько «разумными» они были. А если сейчас – то забываете, что они – продукт подруг, которые в свою очередь набрались признаков сапиенса за долгое время. Вы, похоже, мужчин рассматриваете в отрыве от женщин, а они вместе развивались. Причем в системе больших чисел и в условиях жесткого естественного отбора.

[Игорь Рожанский 30 мар 2023 в 18:55](#)

В тему кельтской экспансии ценный материал дает опубликованная в конце 2021 года статья группы из Гарварда "Large-scale migration into

Britain during the Middle to Late Bronze Age" (Nature 601, 588-94). Работа посвящена истории Британских Островов, но в сопроводительной информации есть данные по большому числу образцов из континентальной Европы железного века. Из них 92 образца Y-ДНК с достаточным для определения гаплогруппы покрытием приходится на Чехию, Словакию, Словению, Венгрию, Австрию, Францию и Нидерланды с датировками от VIII до I веков до н.э. Это соответствует ареалу и времени существования Гальштатской и сменившей ее Латенской культур, традиционно относимых к континентальным кельтам. Для большинства образцов есть археологическое отнесение к соответствующим культурам.

Вот как они распределились по гаплогруппам, в порядке убывания:
R1b - 60, G2a - 12, I2a - 7, R1a - 5, E1b-V13 - 4, J2b-L283 - 3, N-L550 - 1.

В гаплогруппе G2a 10 из 12 образцов приходится на субклад L497, по сей день распространенный в Центральной и Западной Европе. В R1b на первом месте (21 из 60) идет субклад U152, также характерный для Центральной Европы. В него же, наверное попадет немало образцов, покрытие которых не позволило продвинуться на этот уровень. В R1a 3 образца "недотипированы", два из субклада M458, также центрально-европейского. Самые ранние из ныне известных.

[Анатолий А. Клёсов 30 мар 2023 в 21:21](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Поскольку Вы привели только "фактуру" и не стали давать ее интерпретацию, то я продолжу свое описание, изложенное выше. Приведенные Вами данные ему нисколько не противоречат. Итак, I тыс до н.э., времена перехода эрбинов на индоевропейский язык в Европе. Возможно, несколько позже, поскольку я датировал этот переход от начала I тыс или от конца II тыс до середины I тыс до н.э. Действительно, по результатам раскопок доминируют (на две трети) эрбины, треть из них приходится на R312-U152, остальные две трети скорее всего R312 и U106 и их нижестоящие субклады. Одна восьмая - носители G2a, но для них определили L497, очень поверхностный субклад, этот сноп образовался 78 сноп-мутаций, или примерно 11 000 лет назад. Ясно, что это на самом деле намного более недавний субклад, и обычно в современной Европе это определяют с 5-7 нижестоящими снопями по отношению к L-497. Несколько G2a были найдены у древних этрусков, причем у самых древних, первой четверти I тыс до н.э. Остальные малочисленные гаплогруппы картину не меняют, они только недавно вышли из бутылочного горлышка (например, E1b-V13, возродившийся всего 3600 лет назад, то есть незадолго до начала железного века в Европе). Конечно, мы не знаем, были ли найденные R1a среди кельтов, и насколько ранних

кельтов, так что здесь определенных комментариев нет. То, что их нашли мало, так их и должно быть мало, особенно на фоне R1b в тогдашней Европе.

[Игорь Рожанский 30 мар 2023 в 22:28](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Я намеренно дал голые факты, потому что интерпретации таких данных сплошь и рядом могут быть взаимно исключающими, как в картинках-перевертышах, на которых мы видим то красивую девушку, то уродливого старика. Пусть каждый делает выводы сам.

В данном случае, у меня был личный интерес, потому что около 2/3 образцов поступили из Чехии и Словакии, где живут мои ближайшие (на уровне 1700 лет до общего предка) родственники по субкладу R1a-M458>L1029>YP1703. На днях я выкладывал его карту. У нынешних чехов и словаков субклад R1a-M458 находится на первом месте по распространенности, а совокупная доля всех ветвей R1b еле дотягивает до 1/4.

Во времена латенской культуры на той же территории ситуация была противоположная. Значит, замещение R1b на R1a происходило позже.

[Игорь Алексеев 31 мар 2023 в 11:39](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич ! С большинством Ваших работ я знаком с момента их публикации. Не пропускаю и статьи Игоря Львовича. В том, что тюркский язык имеет отношение к эрбинам, ни капли не сомневаюсь. Изложу я, пожалуй, все соображения о языках и миграциях эрбинов в " Вестнике..." Верно?

[Анатолий А. Клёсов 31 мар 2023 в 13:06](#)

Уважаемый Игорь, хорошо, изложите. Только примите во внимание, что все гипотезы и предположения должны быть обоснованы, с приведением фактических данных. Просто "соображения" не подходят. Как и "я полагаю", "я верю", "я думаю".

[Сергей Кутасов 31 мар 2023 в 13:57](#)

Анатолий Алексеевич и Игорь Львович, новые данные по радшичам. Известен еще один гаплотип представителя этого рода. У меня вопрос: радшичей можно назвать потомками кривичей R1a-YP569 ? В ихней ветви <https://www.yfull.com/live/tree/R-A11915/> - Тверь, Москва (Волго-Окское междуречье), Нижний Новгород - территории расселения кривичей. На пруссов вообще что-то не похоже

[Анатолий А. Клёсов 31 мар 2023 в 14:22](#)

Уважаемый Сергей, радшичи, как Вы определенно знаете, это известный русский род, из области "персональной генеалогии", наряду с Бутурлиными, Пушкиными, Нарышкиными и так далее. Если кто-то определил гаплотип его потомка, то, видимо, этим специально занимается, знает гаплотип и определенно гаплогруппу. Насколько понятно из Вашего вопроса, у него субклад R1a-YP569. Действительно, недавно определенные гаплогруппа и субклад кривича из Смоленского Поозерья был R1a-YP569. Но, во-первых, это не проверено хотя бы по десяткам кривичей, и во-вторых, мы не знаем гаплотип потомка радшичей, чтобы сравнить с таковыми для кривичей. В-третьих, субклад/сний YP569 образовался 22 сний-мутации, или примерно 3200 лет назад, за пару тысячелетий ранее кривичей как древнерусского племени, и за те две тысячи лет носители YP569 разошлись по разным направлениям и территориям. Поэтому вряд ли кто Вам скажет, что радшичи - несомненно из кривичей, просто для этого нет достаточно данных. Впрочем, кто-то может иметь свое мнение, и было бы интересно узнать, на чем оно основано.

[Анатолий А. Клёсов 31 мар 2023 в 14:38](#)

Уважаемые участники этого ресурса,

Последние несколько дней у меня была заочная дискуссия с археологом, специалистом по степным археологическим культурам. Такое происходит редко, и я с удовольствием отвечал на его вопросы. У него была своя система представлений, которую он составил, видимо, читая научные статьи и сетевые материалы, и она, система, на мой взгляд была весьма несовершенной. И это понятно, читая противоречивые материалы приемлемой системы не создать. Выношу сюда некоторые мои ответы, поскольку они (и вопросы) могут быть интересны участникам. Поскольку я не запрашивал на разрешение публиковать его письма, то не буду сообщать его фамилию и комментарии по моим ответам. Обсуждение было в основном по "ямникам", то есть образцам ДНК из захоронений ямной культуры (5300-4600 лет назад), в основном в Самарской области и Калмыкии.

>что есть сний? Это одиночная мутация, которая произошла один раз, закрепилась и стала передаваться из поколения в поколение?

1. Да. Иначе говоря, это необратимая метка в Y-хромосоме. Но в каждом поколении есть вероятность появления нижестоящего сния, и тогда вышестоящий (например, R1b-M269) отчасти теряет свою уникальную значимость, и надо ориентироваться на нижестоящие снии, а они часто расходятся по разным ДНК-линиям. Например, ямники в основном R1b-

M269-L23-Z2103-Z2106, а белл-бикеры (культура колоколовидных кубков) R1b-M269-L23-L51-L52/P310-L151-P312 (+ U106, в меньшей степени). Как видите, M269 – это не «ямники», это, скорее, сибиряки, откуда по всей вероятности вышел снип R1b-M269.

Те M269, что найдены у ямников, скорее всего недотипированы. Это означает, что авторы или поленились, или не смогли определить нижестоящие снипы, тем самым ценность образца в большой степени потеряна. Хотя то, что там R1b, уже само по себе важно, но не для глубоких выводов. Это – типичный стиль погнетиков, им надо просто что-то зафиксировать, а глубже уже можно не исследовать. Их часто «M269» вполне устраивает. Потому у них так много ошибок в интерпретациях.

2. То, что для Вас «ямники – это только люди эпохи ранней бронзы под курганами» - Вам, конечно, виднее, но для меня это далеко не достаточно. В такой системе «ямниками» мог быть кто угодно. Потом Вы добавляете критерии, что уже теплее – 5500-4500 лет назад (это согласуется с данными ДНК-генеалогии, я обычно привожу 5300-4600 лет назад, но это практически то же самое), металлическое оружие (на мой взгляд, неспецифично, да и не везде его находят), повозки-платформы (то же самое, вряд ли это везде находят), погребения на спине с подогнутыми ногами (это уже более специфично, хотя у меня впечатление, что и с выпрямленными ногами, если опровергнете – буду признателен), охра (неспецифично, в Африке тоже охра в древнейших захоронениях). Но это Ваше определение как археолога, это дело Ваше. Я добавляю наличие R1b-Z2103 (и, если есть, нижестоящую Z2106).

3. Мои критерии для ямников такие – датировка 5300-4600 лет назад в пределах обычных погрешностей, признанные территории ямников, наличие принятого археологического контекста (захоронение в прямоугольных ямах или под курганами) и прочих признаков ямников, наличие R1b-Z2103-Z2106, наличие M269 и L23, но только в присутствии Z2103 (=Z2105) и нижестоящих, если таковые есть. Если попадают единичные другие гаплогруппы – это не ямники, а случайные попутчики, если только не показано совершенно убедительно, что это именно ямники, с контекстом ямников и при датировках ямников.

4. Столь жесткие, но оправданные критерии в отношении других гаплогрупп основаны на следующих интуитивных (если угодно) представлениях, но которые подтверждены многими результатами исследований. В древности люди мигрировали племенами или прочими группами, которые состояли из родственников по мужской линии, пусть давней наследственности, но сформировавшиеся на основании признаков мужской наследственности. Женщины могли быть откуда угодно. Так мы и видим – как правило, в археологической культуре одна и та же гаплогруппа-субклад, а мтДНК совершенно разные. Бывают

одинокое включение других гаплогрупп, но это скорее исключения, подтверждающие правило. Это могли быть пленные, рабы, или принятые в племя индивиды. В любом случае, эти индивиды другой гаплогруппы должны внимательно рассматриваться на жесткие критерии принадлежности к данному племени/культуре, например, тому же похоронному обряду (положению костяка). А также – та ли датировка, или вариант позднего подзахоронения. Женщин я не касаюсь.

Продолжаю про «достоверных ямников». Как понял, 44 Ваших кандидата – это ископаемые костяки. Если это всё на перечисленных Вами территориях четырех степных южных областей, и работают все перечисленные выше критерии, то это или действительно ямники, или принятые за них (если критерии ямников не все). R1b-M269 подходит, если вместе с ней захоронены Z2103-Z2106, тогда M269 просто недотипированы. Вообще M269 во времена ямников – это нонсенс. Не может быть такого, чтобы с 12 тысяч лет назад до 5 тысяч лет назад не образовалось нижестоящих сипов, они образуются в среднем раз в поколение. Поэтому если M269 – это действительно ямник, то у него при ДНК-исследовании не определили Z2103 и/или Z2106. То же и с L23, хотя там условия более мягкие. Все-таки сип L23 образовался 6400 лет назад, и могли быть нижестоящие сипы, которые ускользнули от генетиков. Но L23 – это развилка, от которой пошли ямники (восточноевропейцы, и далее кавказцы и ближневосточники) и западноевропейцы, поэтому L23, как и M269 – вовсе не принадлежность к ямникам.

5. То, что L23 есть у ямников – она обязана там быть, она – развилка (см. выше), поэтому она также вышестоящая у Z2103 ямников. Но L23, повторяю, это не признак ямников, она есть и у другой части развилки, которые, в отличие от ямников, далее стали белл-бикерами, пройдя мимо ямной культуры и уйдя в Европу.

6. *«Неправомерно отождествлять археологическую культуру с какой-либо конкретной гаплогруппой»*. Слово «отождествлять» здесь Вы сами придумали, я никогда не отождествляю, я просто привожу реальные данные. В фатьяновской культуре пока нашли только R1a, в срубной – только R1a, в потаповской – только R1a, в синташтинской – только R1a, в андроновской – только R1a, за исключением единственного C, который оказался из соседней глазковской культуры. В ямной – только R1b, за исключением единственного I2a, который так и не был описан в правильном контексте, не дано положение костяка, не указано, он в групповом захоронении, или единичный, и так далее. Ископаемые ДНК – это очень тонкая, деликатная область, там нахрапом, без знания тонкостей гаплогрупп и субкладов, без изучения контекста делать нечего, только вредить.

7. То, что я написал, что других в ямной культуре нет, означает, что их нет

в публикациях, а публикации хорошо известны, это 2015 г. (Haak и Allentoft в первую очередь), и последующая Reich, в сумме сотни образцов разных гаплогрупп. Всего опубликованы более 2 тысяч ископаемых образцов у разных авторов, и ни у кого не было в южных степях L51. Если есть – должно быть в публикациях, причем со всеми критериями, что я описал выше. Если кто-то найдет там L51 – это экстраординарная находка, и потому к ней должны быть экстраординарные обоснования.

8. То, что у ямников нет R1b-L52 – это мне известно, хотя этот снип образовался примерно 5700 лет назад, мог бы и быть. То, что он есть у белл-бикеров (ККК), это понятно, он там должен быть, это родительский снип по отношению к R1b-P312 ККК. А вот то, что он есть в КШК – это явная ошибка, проверьте датировки и контекст захоронений и принадлежности к культуре шнуровой керамики. Понятно, что R1b-P312 ходили по территории КШК, у них и битва была на территории КШК в конце II тыс до н.э. с праславянами гаплогруппы R1a.

9. Недотипированная гаплогруппа – см. выше. Повторяю, что генетики просто поленились, или не смогли определить нижестоящие снипы. Если не смогли – то потому, что малая степень покрытия при типировании, то есть при изучении гаплогруппы и субкладов. Но они обычно не пишут, что поленились или не смогли, просто приводят ту гаплогруппу или субклад, до которой дотянулись. Это – низкая культура научной работы. Обязаны написать – проверили все нижестоящие снипы (перечислили), ни одного не нашли. Тогда такую гаплогруппу обозначают как M269*, или L23*, или Z2103* (тогда у него нет Z2106), и так далее.

[Игорь Алексеев 31 мар 2023 в 15:21](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Будут только факты, а пока есть вопрос по родственникам Игоря Львовича. По легенде предки чехов переселились из Реции в Чехию в 282 г до н э. Это как-то улавливается в чешских R1a?

[Анатолий А. Клёсов 31 мар 2023 в 16:50](#)

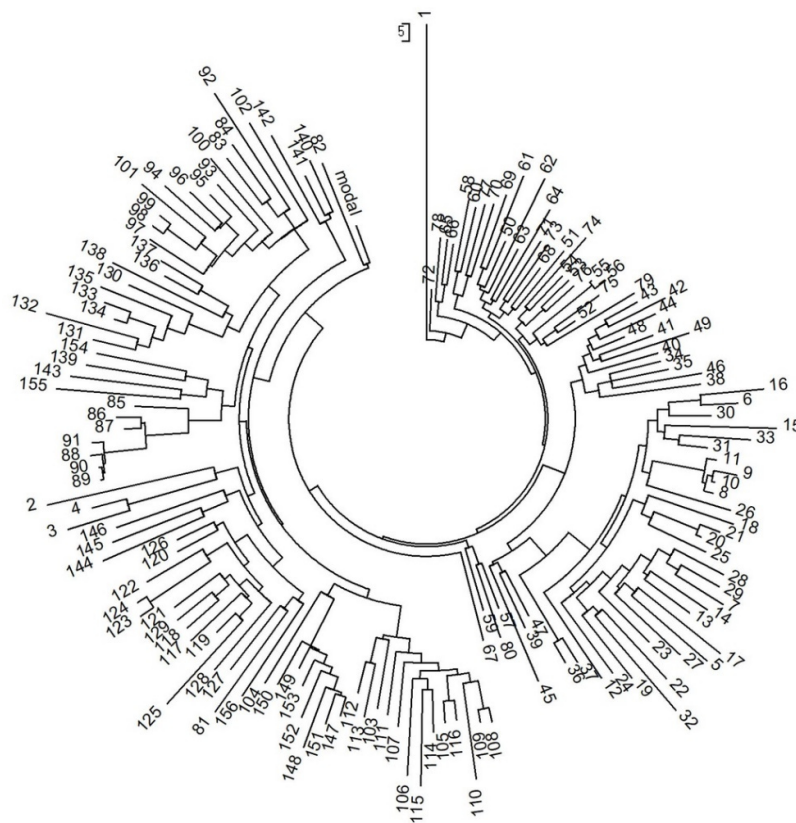
Уважаемый Сергей (Кутасов), в данном ресурсе задают вопросы, а не излагают свои версии. Поэтому Ваш текст снят, в нем вопросов не было.

[Анатолий А. Клёсов 31 мар 2023 в 17:20](#)

Уважаемый Игорь (Алексеев), полагаю, что Игорь Львович внимательно работал с гаплотипами его ветвей, и ответит на Ваш вопрос. Я тоже работал над гаплотипами чехов и словаков, видимо, не столь исчерпывающе, но на Ваш вопрос отвечаю, что дерево в 67-маркерном формате из 156 гаплотипов тех и других, которые есть в базе данных IRAKAZ, вряд ли дает столь детальные сведения. Вы можете сами

посмотреть на дерево, прилагаю. Это дерево приведено в моей книге "Народы России. ДНК-генеалогия" (Изд. Питер, 2021) как рис. 221. Здесь справа приведены гаплотипы западнославянской ветви снипа R1a-M458-L260, в основном словаков, и центральноевропейской ветви R1a-M458-L1029, в основном чехов, но во всех ветвях есть "примеси" соответственно чехов и словаков, "чистых" ветвей нет. Слева оказались представители субклада Z280 основных карпатских ветвей — западнокарпатской, южнокарпатской, восточнокарпатской и северокарпатской, в таком же порядке их численности. Во всех четырех ветвях слева доминируют словаки. Резко вылетает лишь один гаплотип архаичного снипа YP1272 (под номером 1).

На дереве не менее десятка ветвей, каждая из которых имеет свой характерный снип и свою исходную территорию распространения. Конечно, в древности территории этих снипов были довольно четко очерчены, сейчас они изрядно размылись, но все равно идентифицируются. Можно, конечно, искать веточки определенных, более глубоких снипов, но статистика не благоприятствует. Снип YP1703, который упомянул Игорь Львович, встречается и у венгров, и у итальянцев (в славянских ветвях), встречаются и нижестоящие к нему снипы. Несколько таких приведены в цитируемой выше книге. Там по чехам и словакам довольно много данных.



[Игорь Рожанский 1 апр 2023 в 8:51](#)

Игорь, ответил Вам в своей теме, чтобы не создавать путаницы. Пройдите по ссылке https://vk.com/topic-86388164_39498730?post=37649 или найдите в приложении ВК тему "Вопросы И.Л. Рожанскому", если ссылка не работает.

[Анатолий А. Клёсов 1 апр 2023 в 11:30](#)

Продолжаю с ответами, которые давал археологу, как объяснено несколько выше. Возможно, интересующимся будет полезно. На этот раз он сообщил, что не понимает, что такое "недотипированные" образцы ДНК в отношении гаплогруппы и субкладов, и что такое "степень покрытия" при типировании образцов ДНК. Тема почти бесконечная, и я дал довольно упрощенные объяснения.

Недотипированная гаплогруппа – это та, определение которой, как и ее субкладов, не отвечает на вопросы и задачи данного конкретного исследования.

Как видите, это плавающее понятие, диктуемое задачами исследования. Например, я ожидаю увидеть в ямной культуре сніпы Z2103 и нижестоящие, в качестве которых можно ограничиться Z2106. Потому что я уже знаю, что в ямной культуре образцов со сніпами Z2103 и Z2106 большинство, и что оба сніпа образовались незадолго (за несколько столетий) до образования ямной культуры. Я также знаю, что оба сніпа относятся к цепочке R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106. Более того, я знаю, что вслед за Z2106 идут сотни сніпов, из которых несколько десятков образовались во времена ямной культуры, например, цепочка Z2106 > Z2108 > Z2110 > CTS7556 > FGC29296 > Y5592 > CTS1450 > Y18959 > Y10789, но знаю, что их пока никто не определяет в древних ДНК, и Z2103 и Z2106 мне пока вполне достаточно. Мне они нужны в основном для того, чтобы проследить древние миграции из ямной культуры.

Поэтому M269 и L23, найденные в ямной культуре – недотипированные. При этом L23 еще может быть без нижестоящих сніпов, хотя вряд ли, она образовалась 41 сніп-мутацию, то есть в среднем 5900 лет назад, и за тысячелетие (до ямной культуры) нижестоящие сніпы должны были образоваться, просто их не определили, но для чистоты и корректности эксперимента генетики должны были сообщить, что тестировали образец ДНК с L23 на Z2103 и на L51, и не нашли ни того, ни другого. Поскольку они это практически никогда не сообщают, образец с L23 в ямной культуре считается недотипированным, и уж тем более образец с M269,

который образовался 12 тысяч лет назад, за многое тысячелетия до ямной культуры.

Надо сказать, что снипы ямной культуры (назовем их условно так) вовсе не обязательно относятся только к ямной культуре, они есть и у наших современников. Поэтому непременно надо давать датировку образцов с этими (и другими) снипами. Например, снип Z2108, следующий за Z2106 (см. выше) и который образовался 5300 лет назад, найден в Италии в захоронении с датировкой 700 лет назад. Ясно, что он НЕ маркирует миграции ямников, он мог попасть в Италию когда угодно и как угодно.

Так что с «недотипированными» образцами ДНК в отношении гаплогрупп и субкладов разобрались. Повторяю, что это не абсолютная категория, например, если мне нужно просто знать основные гаплогруппы в ямной культуре, и я узнал, что там нашли 10 R1b и одну I2a, то моя задача решена, про «недотипирование» я и не вспомню. Но если мне надо знать про направления и времена миграций, то я тут же сталкиваюсь с проблемой недотипирования. Например, публикации сообщили, что в ямной и афанасьевской культуре нашли Z2103 (= Z2105). Но не дали нижестоящих снипов. Это – досадное недотипирование, потому что отсюда невозможно узнать направление миграции – из ямной на Волге в афанасьевскую в южную Сибирь, или наоборот. А между ними – тысячи километров, и обе культуры датируются практически одинаково. Но авторы-попгенетики, не моргнув глазом, написали, что это ямники пришли в афанасьевскую культуру. Никаких оснований не дали, что типично для попгенетиков. Но мы знаем, что в ямной культуре есть нижестоящий снип Z2106, а по афанасьевцам таких данных нет. Если бы авторы показали, что в Z2103 в афанасьевской культуре нижестоящих снипов не обнаружено, то есть там только Z2103*, то этот снип попал туда недавно по сравнению с ямной. Но если Z2103 в афанасьевской культуре оброс другими снипами, в том числе теми, что не обнаружены в ямной культуре, то R1b в афанасьевской культуре могут быть древнее.

В любом случае, это можно быть бы рассмотреть и сделать выводы, и установить направление миграций. Но авторы той статьи ограничились недотипированием.

Теперь о степени покрытия. Это мало связано с проблемой недотипирования, но иногда связано. Например, когда образец древней ДНК настолько деградирован, то есть состоит из коротких фрагментов ДНК, и Y-хромосомы в частности (и в особенности). Тогда образец надо «читать» многократно, прогоняя его ДНК опять и опять через типирование, и это занимает много времени и стоит много денег. Исследователи обычно это не делают, такой сверхзадачи перед ними нет. Им надо наскоком что-то измерить и отчитаться. Но тогда определение часто «топорное», тят-ляп. Это порой приводит к «экзотическим»

гаплогруппам не в то время и не в том месте. Но их, популяризаторов, это не смущает, они отчитались. Поэтому когда я вижу что-то «кривое», смотрю на степень покрытия. Оно всегда в таких случаях малое, на уровне сотых, а то и тысячных долей единицы.

Приведу конкретные примеры. Изучали (2015 г) образцы ДНК белл-бикеров (культура колоколовидных кубков), 6 образцов. Все они R1b, кроме одного. У пяти R1b снипы относительно глубокие, R310 (= L52), R312, L51, в общем, для бикеров подходят, если не ставить специальных задач. Степени покрытия 0.33 до 0.079 (последняя - для L51), остальные 0.23, 0.13, 0.10, в общем, не густо, но куда ни шло. L51 - вряд ли надежен. И вдруг среди них гаплогруппа R1. Ясно, что недотипированная, таких не должно быть. Смотрим на степень покрытия - 0.028, самая низкая из всех. То есть ниже уровня R1 просто не смогли пройти, а гонять образец через приборы не захотели. Или были другие причины, почему не захотели или не смогли пройти глубже.

Еще пример - полтавкинская культура, четыре образца, все R1b, среди них два Z2105, это хорошо, один с покрытием 4.95, другой 0.35. Один образец L23, степень покрытия 1.98. Датировка 4200-4800 лет назад, через две тысячи лет после образования L23. Явное недотипирование, хотя степень покрытия неплохая. Видимо, поленились пройти глубже.

Еще пример - потаповская культура, всего два образца, один R1a-Z645 с покрытием 0.52, это хорошо, согласуется с общей картиной миграций, другой вдруг R1, вообще непонятно, смотрим на покрытие - 0.08, сотые доли единицы. Сразу понятно, что гаплогруппа ненадежна и скорее всего неверная.

Еще пример - хвалынская культура, там нашли R1b и R1a-M459 (архаичный субклад), степень покрытия 0.72 и 0.48, умеренно. Еще один - Q1a, покрытие 0.053, плохое. Скорее всего, определение ненадежное.

А вот скифский образец, покрытие 2.8, для древних ДНК отличное, снип R1a-Z2123, согласуется с общей картиной скифских миграций.

Еще пример, срубная культура, все шесть образцов R1a, самое высокое покрытие 8.2, снип Z645-Z93, еще хорошее покрытие 3.2, снип Z645-Z93-Z2123, есть еще Z645-Z93, и вдруг один образец - архаичный снип R1a-M459, покрытие 0.049, мало надежное.

Вывод - степень покрытия это показатель надежности типирования, но вовсе не залог глубокого типирования, здесь важно и желание генетиков глубоко типировать, а эта задача перед ними часто не стоит. «И так сойдет».

Последнее – почему генетики используют термины и показатели, которые не согласуются друг с другом. Это – давняя болезнь попгенетиков. Каждый суслик – агроном. У химиков, например, все давно согласовано десятки лет назад, а попгенетики договориться не могут. Поэтому снипы называют по-разному, степени покрытия называют по-разному, и так далее. Но Вы же не возмущаетесь, почему одни измеряют вес в килограммах, другие в фунтах, одни выражают температуру в градусах Цельсия, другие в Фаренгейтах, третьи в Реомюрах, четвертые в градусах Кельвина. Выбирайте себе подходящие единицы и номенклатуру.

Ну и последнее в отношении «недотипирования». Дело в том, что каждая гаплогруппа имеет сотни, а то и тысячи снипов. Так что все они обычно «недотипированы», но, повторяю, все исходит из постановки задачи. Каждый выбирает свой уровень типирования по задаче. Например, за рубежом часто спрашивают – откуда вы? Я обычно говорю – Россия. Людям этого достаточно. Мало кто спрашивает (но бывает) – а в России откуда? Я говорю – Москва. Реакция – О, вау! Еще никто не спрашивал – а из какого района? Какая улица? Номер дома? Номер квартиры?

Так и с глубиной типирования. Никому не нужно проходить даже на десяток снипов вглубь, если нет такой задачи. Не говоря о сотне снипов. Именно потому «недотипирование» – плавающее понятие.

[Leonardo Glasper 1 апр 2023 в 16:42](#)

Анатолий Алексеевич, известно ли Вам/Вашим специалистам-соратниками/ДНК-генеалогии что-нибудь о неких пиктах – коренных жителях севера британских островов (ныне Шотландия)? Насколько мне известно захоронения пиктов с останками скелетов находили и не одно. По информации из сети пикты – исчезнувшая культура.

Вопросы, собственно следующие:

1. Какая у них (пиктов) гаплогруппа и снипы ?
2. Являются ли они предками нынешних шотландцев?
3. Кто является предком(и) нынешних ирландцев англичан и шотландцев?
4. По официальной исторической версии мы знаем, что когда Римская империя захватывала британские острова там уже жили некие то ли кельты то ли бритты. Являлись ли эти самые кельты/бритты коренным населением британских островов или же они пришли туда в каком то тысячелетии (заселили британские острова)?
5. Как вторжение Римской империи повлияло на генофонд тогдашних коренных жителей британских островов?.
6. В чем отличии Y хромосомы римлян от кор. жителей брит. островов?

Анатолий А. Клёсов 1 апр 2023 в 21:44

Уважаемый LG,

Пиктами я специально не занимался, да и интереса особого не было. Насколько мне известно, древние ДНК пиктов не опубликованы. Многие лингвисты сходятся на том, что у пиктов был неиндоевропейский язык. Возможно, они представляли одно из коренных племен Европы, которые были уничтожены в ходе заселения эрбинами Британских островов. Если так, то у них могли быть гаплогруппы G2a, или I1a, или I2a, но может и R1b раннего заселения начиная с 4500 лет назад, то есть за 2000-2500 лет до их практически полного уничтожения. Технически, они могли построить Стоунхендж, и то, что строители этого древнего сооружения были уничтожены эрбинами, уже было высказано в одной из недавних телепередач (американской или британской).

То, что выше – это общие соображения, которые основаны на косвенных данных, и в дальнейшем могут быть подтверждены или опровергнуты. Таким образом, ответа на Ваш первый вопрос пока нет. Второй Ваш вопрос сформулирован нечетко, так как в нем не стоило было выделять именно шотландцев, они по основным ДНК принципиально не отличаются от англичан и ирландцев. Являются ли пикты их предками, хотя бы нескольких процентов, неизвестно, но определенно не основного количества жителей Британских островов. Предками современных англичан, ирландцев и шотландцев с большим отрывом являются носители гаплогруппы R1b (70–80 % от всех), причем в ее составе преобладает субклад R312, его 65–78 % у англичан, 85 % у шотландцев, 93–94 % у ирландцев и уэльсцев по сравнению с другими ветвями гаплогруппы R1b. Важно отметить, что это не автохтонная, не коренная гаплогруппа на Британских островах, она прибыла туда с носителями культуры колоколовидных кубков в ходе заселения ими Европы, начиная с середины III тыс. до н. э., то есть примерно с 4500 лет назад.

Показательно, что субклада U106, который образовался, как и R312, около 5 тыс. лет назад, то есть в начале III тыс. до н. э., на Островах относительно мало, 21–32 % у англичан, 14 % у шотландцев, 6 % у ирландцев и уэльсцев. Вместо Островов, носители субклада U106 устремились на север Европы. Возможно, они вообще не относились к культуре колоколовидных кубков.

Кельты, судя по многим данным, вообще не заселяли Британские острова, это старинный миф. На Острова пришли индоевропейские «кельтские языки», причем относительно недавно, в I тыс до н.э. Бриттов считают «частью кельтов», но эти термины – бритты, галлы, кельты были введены во времена римского нашествия на Острова, и основным источником этих названий были англосаксонские хроники IX века. Они нечеткие, и если

читать наиболее авторитетные современные источники, например книгу «Кельты» Нормы Чадвик, то там вообще нет разницы между галлами и кельтами.

>Как вторжение Римской империи повлияло на генофонд тогдашних коренных жителей британских островов?

См. выше. Вытеснило на 80-90%, а то и больше. Типичное англо-саксонское поведение. Носители других гаплогрупп еще подошли позже.

>В чем отличии Y хромосомы римлян от кор. жителей брит. островов?

Вы не дали определение «римлян». Если это древние, то это что - древние начала Рима, или Римские царства, или Римская империя? Чем дальше во времени, тем гаплогруппы «римлян» все больше размывались. В принципе, с самого начала доминировали R1b-P312 и нижестоящие ветви. То же - и на Островах, но со временем там формировались обособленные ветви, которых почти нет на континенте.

Leonardo Glasper 2 апр 2023 в 0:16

Исходя из Вашего ответа понял как сформулировать свой вопрос :

1. На момент начала вторжения Римской империи на британские острова какой народ на них проживал, как их можно назвать и какие у них гаплогруппы и субклады?
2. Выходит нынешние жители Великобритании являются прямыми потомками римлян - завоевателей британских островов ?

Игорь Рожанский 1 апр 2023 в 18:18

Уважаемый Анатолий Алексеевич. Многие из процитированных Вами образцов с приемлемым покрытием, но неглубоким отнесением перепроверили сотрудники FTDNA, YFull, а также частные энтузиасты, владеющие методами расшифровки файлов из генетического банка данных. Наиболее полную коллекцию их данных можно найти в онлайн-таблице по этой ссылке <https://indo-european.eu/ancient-dna/>

Их выводы тоже нужно перепроверять, впрочем, чтобы избежать «перетипирования», то есть глубины отнесения, не соответствующей покрытию или датировке образца. Например, обнаружение линии, берущей начало в нашей эре, на образце эпохи бронзы.

Игорь Рожанский 2 апр 2023 в 2:05

Процесс почти полной замены населения Британских Островов времен культуры колоколовидных кубков подробно обсуждается в совместной

статье палеогенетика Райха и археолога Армита 2021 года <https://reich.hms.harvard.edu/sites/reich.hms.harvard..>

Авторы используют геномную терминологию, но она легко проецируется на очень быстрое вытеснение прежде доминировавшей гаплогруппы I2, представленной разными субкладами, на молодые на тот момент (несколько сот лет с начала роста) линии субклада R1b-P312>L21.

[Анатолий А. Клёсов 2 апр 2023 в 8:40](#)

Уважаемый LG,

На Ваши вопросы по сути я ответил выше. На Британские острова были по меньшей мере три исторически важные переселения, Вы задаете вопрос о втором. До примерно 4500 лет назад (середины III тыс до н.э.) на Островах жило коренное население Европы, мы знаем о нескольких гаплогруппах - C, I1, I2, E, G, J2a, J2b, и этот список далеко не полон. Игорь Львович дал выше ссылку, что на Островах доминировали I2. Начиная примерно с 4500 лет назад на Острова вторглись носители культуры колоколовидных кубков, гаплогруппа R1b-P312, тогда же образовалась и линия R1b-P312-L21, которая и до настоящего времени выражена на Островах. Далее было вторжение в Британию войск Юлия Цезаря (54 и 55 гг до н.э.), и, наконец, вторжение викингов, начиная с 793 г. н.э., которые в итоге принесли гаплогруппы R1a-Z284 и I1a, которых сейчас там на уровне 3-5% и 5-15% соответственно, по разным данным.

Если хотите больше узнать о древних гаплогруппах Европы и Британских островов, в частности, пройдите по ссылке, которую привел И.Л. Рожанский, там более 5 тысяч образцов со снипами, а всего более 10 тысяч древних образцов.

Второй Ваш вопрос поставлен неважно, у нынешних жителей Великобритании разнообразное происхождение, и римляне там сыграли далеко не главную роль.

[Игорь Рожанский 2 апр 2023 в 10:06](#)

Римляне, основной линией которых был, очевидно, субклад R1b-P312>U152, оставили не особенно большой след в Британии, в отличие от англосаксов, которые начали активно переселяться после ухода римских гарнизонов. Их вторжение хорошо прослеживается по появлению в дДНК образцов из гаплогрупп R1b-U106 и I1, что до того не фиксируются в довольно представительных выборках от неолита до римского завоевания. Очевидный знак германских народов, как можно судить по статистике на континенте. В качестве минорных линий компанию им

составили I2a-M223>L801 и R1a-L664, также специфические для германских народов.

[Илья Косолапов 4 апр 2023 в 17:50](#)

Здравствуйте у меня к вам вопрос прошу ответить. Вы считаете казаков потомками беглых крестьян бежавших на Дон, Терек, Урал от гнёта помещиков или отдельным народом?

[Анатолий А. Клёсов 4 апр 2023 в 18:42](#)

Уважаемый Илья, я считаю казаков членами казачьих воинских формирований, которые входили в армию Русского государства, Русскую императорскую армию, и вооружённые силы СССР и России, а также в армии соседних государств. Чьи они были или являются потомками в настоящее время - это их дело. Одни специалисты по казакам рассматривают казачество как историческое сословие, другие - как специфическую социокультурную группу в составе славянских народов, третьи - как субэтнос в составе русского народа. Зачем мне лезть в эту кашу, пусть специалисты придумывают свои определения. Мое дело - посмотреть их гаплогруппы, и когда посмотрел на казаков на территории России, оказалось, что никакой они не "отдельный народ", они по происхождению неотличимы от русских, и к тому же - православные и говорят на русском языке. Единственное отклонение - терские казаки, у которых повышенное содержание гаплогруппы G2a, но никакого удивления это не вызывает, это - следствие прибытия туда мужчин с Северного Кавказа. Те, кто педалирует про казаков как "не русских", как "отдельный народ" - это недруги русского народа. Раньше на Руси таких называли смутьянами, и последствия были неважные, но справедливые.

(Продолжение следует)

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 160

Анатолий А. Клёсов
Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

www.anatole-klyosov.com

ПИСЬМО 550

Я приобрел несколько Ваших книг. У меня есть пара вопросов.

1. Можно ли по ДНК установить родство, если ветка древа проходит через предков мужского пола и женского? Поясню. Я около 10 лет занимался восстановлением своих корней. Мне помогал искать материал лебедянский краевед. За 5 лет поиска набрался материал и он предложил сделать статью в книгу об усадьбах липецкого края. Мы совместно сделали статью и она была опубликована в книге. Для статьи он нашел материал, что у меня в предках есть Головины. Я этому не придавал особого значения. Я знал, что Головины известная фамилия и что там можно покопать. Но особо руки не доходили. В том году у меня умерла мама и я через какое-то время стал вносить информацию о ней в программу Генбокс и решил заодно посмотреть по Головиным. Я нашел скан книги Родословная роспись Головиных. Оттуда выяснил, что у них есть кровь Рюриков. Потом нашел Родословную роспись Рюриков. И был очень удивлен, что мое древо ведет к Рюрику. Эта ветвь проходит через мужчин и женщин. Из Ваших книг я понял, что смотрят либо мужскую линию либо женскую. В связи с чем у меня и возник вопрос, можно ли установить соответствуют ли мои изыскания действительности или нет. Тест ДНК я не делал. Планирую в будущем.
2. В начале своих поисков у меня были сведения от мамы, что в роду есть грузины Накашидзе, а дальше французы. Эти сведения сообщила маме сестра моего деда на его похоронах. Сам дед маме ничего не рассказывал. Я родился уже после его смерти. У нас есть фото, где моя прабабушка имеет явные грузинские черты. Самого деда, как рассказывала мама, грузины окликали на рынке на грузинском языке. Когда я собрал данные из архивов, оказалось, что по документам линия деда не проходит по грузинам. Я может

быть с этим бы и согласился, но есть явные свидетельства – фотографии, а также рассказ сестры деда. Прабабушка и прадедушка развелись. У деда была фамилия Северинов. Это девичья фамилия бабушки. По прадеду он должен был быть Емельянов. По Севериновым по восходящей грузинов нет. Но в архивах нашли Кетеван Накашидзе в Воронежской губернии (прадедушка и прабабушка жили в соседних деревнях, одна в Тамбовской, а другая в Воронежской губернии; а сейчас это Липецкая области). Как нашел, это отдельная интересная история. Но сейчас не об этом. Бабушку мою звали Северинова Варвара (1879 г.р.). По линии с Накашидзе я нашел Парлу Варвару (1885 г.р.), что прямо уложилось в рассказ сестры деда. (Карл Парлу был интерпринером (балетмейстером) в Знаменском театре в Москве. Приехал он во времена Екатерины 2 в Москву из французского города Ним) Из архивов я получил копии из метрических книг на обоих. При этом Парлу Варвара родилась в Московской губернии. При чем они являются родственниками. В связи с чем у меня есть версия, что Парлу Варвара стала Севериновой Варварой. Можно ли это как-то установить с помощью данных ДНК?

МОЙ ОТВЕТ:

Вы ставите задачу непростую. В принципе, ее можно попытаться решить при тестировании на аутосомы, или, что то же самое, аутосомные хромосомы, но она почти нерешаемая. Дело в том, что, как Вы описываете, вы хотите узнать что-то определенное из переплетения разных линий ДНК, но что именно определенное – Вы не знаете, поскольку у Вас нет образцов ДНК тех людей, на которые Вы хотите выйти при ДНК-анализе. Искать типа «Головин», «француз», «грузин» это практически бесполезно, потому что у француза могли быть испанские, немецкие, русские корни, и так далее, а у тех тоже могли быть разные корни. И это по мужской и женской линии. Иначе говоря, аутосомный тест выдаст Вам некую мозаику, а как ее раскручивать – совершенно неизвестно. Если бы у Вас были образцы ДНК всех тех (или некоторых) предположительных предков, было бы хоть с чем сравнивать, а так – не с кем и не с чем. Головиных в принципе можно найти и взять у них аутосомный тест, но это на практике большая работа.

Иначе говоря, если заниматься таким «проектом» и начать искать образцы ДНК потенциальных родственников и их предков, на это могут уйти многие годы и немалые деньги. Гарантий – никаких. Единственное основание – если Вам по сути нечего делать, Вы хотите занять этим свою жизнь, и есть серьезные деньги, которые Вы готовы на это положить, то можете попытаться. Во всяком случае, узнаете для себя много нового.

Советую для начала задачу много проще – заказать анализ своей гаплогруппы и гаплотипа Y=хромосомы, и попытаться понять, куда он может вывести. Это задача беспроектная. Анализ ДНК можете заказать в Академии ДНК-генеалогии в Москве.

ПИСЬМО 551

У моего дяди (по матери) оказалась гаплогруппа I2-M423 (I2a1b). Я был крайне удивлен, потому что он из Ульяновской области, и его предки жили там последние 300 лет, были крестьяне. Насколько понимаю, это редкая гаплогруппа, балканская, и как она оказалась в Поволжье в простом селе, где непрерывно проживали крестьяне?

У меня оказалась гаплогруппа R-Y317051.

Есть предположения, что со стороны бабушки мой троюродный брат – прямой потомок новгородских бояр. Его гаплогруппа R1a1a1b1a2b3.

Я задумал сделать анализ ДНК из некрополя софийского собора в великом Новгороде. Он сохранился, описан, останки атрибутированы. Похоже, там мой предок. Веду работу по получению для этого гранта. Есть шанс очень интересные данные получить о Новгородской элите с 11 по 16 век.

МОЙ ОТВЕТ:

Советую Вам не использовать такую номенклатуру как R1a1a1b1a2b3, она неудобна, длинная, запутывает, и время от времени изменяется в каталогах. Если Вам не дали при этом снип (то есть конкретную мутацию в Y-хромосоме), то квалификация той организации, куда Вы сдавали тест, оставляет желать лучшего. Попросту говоря, Вам выдали устаревшую номенклатуру, образца 2016 года. В последние несколько лет она уже изменилась, и не зная этого (а люди, разумеется, не знают), они рассматривают откровенный мусор. На самом деле по номенклатуре 2016 года у Вашего троюродного брата R1a-Z280-CTS3402. Это – «классический» русский субклад, образовался примерно 4500 лет назад, так что для него для выхода на бояр еще надо определить не менее 6-8 последующих мутаций. У меня такой же, как у Вашего троюродного брата, CTS3402, только с последующими снипами: CTS3402 > Y33 > CTS8816 > Y2902 > YP1447 > Y35272 > Y35265 > Y35268. Последний снип образовался 1015 лет назад (7 снип-мутаций).

У Вас – один из нижестоящих субкладов гаплогруппы R1a-M458-L1029.

Штука в том, что если Вы получите костные остатки новгородских бояр, то ссубкладом CTS3402 делать просто нечего, таких в России миллионы человек. А вот если совпадет глубокий снип, типа моего Y35268, то резко сузится коридор доказательств, таких в России немного. Я нашел только в соседней Брянской области (мои предки – из Курской), но мои пошли по военной линии, дети боярские, а те, из Брянской деревни – по монастырской. Наши линии разошлись где-то 500 лет назад, или немного больше. Потому что мой прямой предок, до которого удалось дойти, родился в 1575 году, 448 лет назад, и уже был сын боярский.

Так что примите за «дорожную карту».

В отношении гранта тоже будет не так просто. Лаборатории берут как минимум 100 тысяч рублей за древний образец. Далее, Вам надо получить разрешение на извлечение останков и взятие образца из Собора, и, как Вы понимаете, это непросто. Потом получить сам доступ к останкам, и взять образец правильно сможет только профессиональный археолог, причем с составлением подробного протокола-паспорта. И только после того наступит очередь лаборатории, работающей с древними образцами ДНК.

ПИСЬМО 552

Могли бы Вы найти возможность провести анализ на гаплогруппу костей и черепов (вываренных) в подземельях Парижа? -количество потрясает.

МОЙ ОТВЕТ:

В Вашем вопросе недостает важного пункта – кто за это будет платить? Анализы дорогие, за нестандартные образцы – как минимум 100 тысяч рублей за образец. Это уже не говоря о том, в чем цель предлагаемого исследования.