

Ultima ratio

Вестник Академии ДНК-генеалогии

**Proceedings of the Academy
of DNA Genealogy**

Boston-Moscow-Tsukuba

Volume 19, No. 3

March 2026

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

ISSN 1942-7484

Вестник Академии ДНК-генеалогии.

Научно-публицистическое издание Академии ДНК-генеалогии, 2026.

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, 2026.

При перепечатке ссылка обязательна.

© А-ДНК, 2026

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Опыт общения с арабскими «генетическими генеалогами». <i>А. А. Клёсов</i>	303
Гаплогруппы с севера Китая 4800-3650 лет назад. <i>А.А. Клёсов</i>	311
Тюрки, индоевропейцы, турки, хазары, ашкенази, русские. К недавней дискуссии на сайте Academia. Turkic, Indo-Europeans, Turkish, Khazars, Ashkenazim, Russians. A Recent Discussion on the Academia site. <i>Anatole A. Klyosov</i>	314
Мы слышали не раз, что геном человека намного больше Y-хромосомы, поэтому более информативен при изучении истории древнего мира. Так ли это? <i>А.А. Клёсов</i>	345
Мы не произошли от неандертальцев. <i>А.А. Клёсов</i>	373
Предисловие к тому 3 книги «Происхождение славян». Том 3 – «Коллизии с историками». <i>А. А. Клёсов</i>	379
Вехи истории. Участие носителей Y-хромосомной гаплогруппы F и её потомков в создании древнейших культур Homo sapiens и Homo sapiens sapiens Европы, включая Русскую равнину. <i>И.Г. Наумова</i>	391
ЭСТЕТИЧЕСКИЙ НОКАУТ	
La guerre nucléaire de l'oligarchie des cancrs. <i>A. Livry</i>	410
Прямая линия . Часть 99. <i>А.А. Клёсов</i>	414
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии . Часть 188, письма 643 - 645.	448

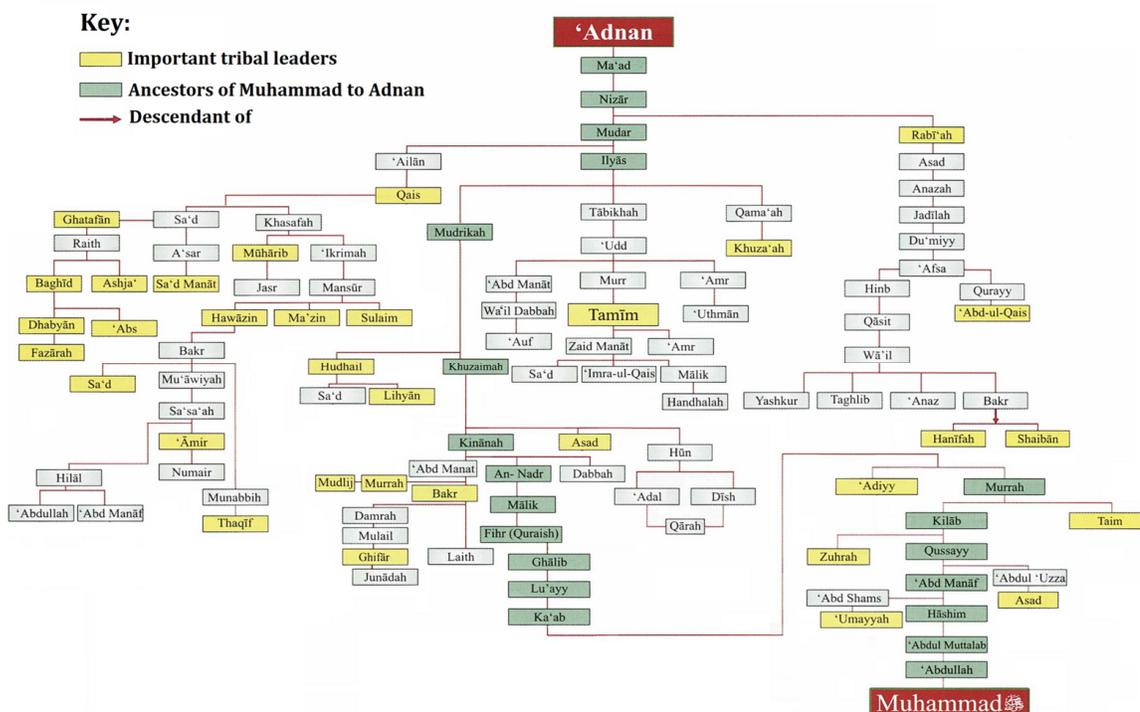
Опыт общения с арабскими «генетическими генеалогами»

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Уже несколько лет я почти каждую неделю получаю письма от арабских «генетических генеалогов». Беру это в кавычки, потому что это не наука. Это – облегченный вариант поггенетики, только без расчетов и диаграмм. Рассуждения обычно (или всегда) «по понятиям», до удивительного прямолинейны; то, что тысячелетние генеалогии всегда расходятся на ветви, они обычно не схватывают, и недоумевают, почему, например, какой-то относительно недавний сноп не проявляется во всех ветвях. А как он может проявиться во всех ветвях, когда ветви разошлись задолго до его образования.

Вот, например, генеалогия Аднана, в целом принятая в арабском мире, и опубликованная в Википедии:



По сведениям арабских книжников, Аднан родился примерно 3200 лет назад. Ему в цепочке снопов по времени примерно соответствует сноп

Y4348 (образовался 22 снип-мутации, или 3200 ± 500 лет назад), но это могут быть и два последующих снипа Y4349 (21 снип-мутация, или 3000 ± 500 лет назад) и Y6074 (22 снип-мутации, или 3200 ± 500 лет назад), и, возможно, перед ним S21237 (24 снип-мутации, или 3500 ± 500 лет назад, но недавно YFull его передатировал на 3800 ± 600 лет назад, не изменив число снипов; это по сути ничего не изменило в отношении Аднана, но оставило вопрос, на каком основании YFull меняет датировки, не соблюдая число лет на снип, а именно 144 года, по их же данным). То же и последующий L859 (22 снип-мутации, или примерно те же 3200 лет назад, с соответствующей погрешностью, сейчас он в том же списке YFull идет с датировкой образования 3000 ± 500 лет назад, что тоже вполне подходит под Аднана, если только знать, что арабские книжники имели достаточно обоснованные соображения датировать Аднана именно 3200 лет назад.

Но арабские «генетические генеалоги» погрешность обычно не признают, для многих из них эти датировки абсолютны, как книжников, так и YFull, и они знают два снипа – J1a-L859 и FGC10500, которые, по их понятиям, должны быть в каждой ветви на диаграмме, показанной выше. Если снип L859 действительно был у Аднана, то с этим можно согласиться, этот снип тогда должен разойтись по всей диаграмме, по всем ветвям, но если он появился только, скажем, у Илиаса (Ilyas), то ряд ветвей на диаграмме снипа L859 иметь не будут. И действительно, несколько индивидов на диаграмме вместе с их ветвями снипа L859 не имеют, а имеют FGC23310, который относится к другим ветвям, разошедшимся от Y4349 (3000 ± 500 лет назад) на другую, параллельную ветвь:

YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > Y3014 > Y352943 > S21237 > Y4348 > Y4349/FGC1723 > Y6074 > **L859** > Y12869 > FGC10500 /Y12361

YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > Y3014 > Y352943 > S21237 > Y4348 > Y4349/FGC1723 > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > **FGC23310**

Здесь первые три снипа могут быть в равной степени отнесены к библейскому Аврааму (образовались 30, 29 и 25 снип-мутаций, или примерно 4300, 4200 и 3600 лет назад с погрешностями по ± 500 лет), серия снипов S21237 > Y4348 > Y4349/FGC1723 > Y6074 > L859 – к Аднану (образовались между 3500 и 3200 лет назад, плюс погрешности), и все это осложняется передатировками образования снипов со стороны YFull, да еще условностями датировок со стороны арабских книжников.

Поэтому принимать здесь жесткие конструкции с абсолютными значениями снипов и датировок, чем увлекаются «генетические генеалоги» - дело безнадежное. А у них еще «аргументы» - что, мол, такие-то индивиды вышли из клана Курайш, значит, они из той же линии, что и Мухаммад, значит, у них должны быть те же снипы, что и у Мухаммада и Али, включая FGC10500. А у них определяются FGC23310, значит, это та

же линия, где и FGC10500. Понять, что это разные линии (см. цепочки снипов выше) они не могут, потому что тогда ломаются их «аргументы» по индивидам, а они ломаться не имеют права, потому что те определено потомки Али, иначе и быть не может.

В конце данного выпуска Вестника приведены две серии переписок с такими «генетическими генеалогами», из обеих мне пришлось выйти, потому что это была форменная потеря времени. Они, как правило, приводили вербальные «аргументы» по индивидам, не показывая не только их снипов, но и гаплогрупп. Они не могли понять, как в одном клане Курайш могли оказаться носители как R1a, так и J1a, как будто туда принимали по предъявлению гаплогрупп.

На самом деле все такие «девиации» объяснить довольно просто. Жизнь, как говорится, сложнее схемы, а «генетические генеалоги» оперируют схемами. Простой пример – мать Мухаммада была из знатного рода, более того, была самой знатной в племени Курайш. Ее имя было Амина бинт Вахб бин Абд Манаф бин Зухра бин Килаб. Если взглянем на мужскую генеалогию Мухаммада, то увидим, что Абд Манаф за нимает в ней пятую строку (сам Пророк занимает первую), а Килаб – седьмую строку. Иначе говоря, имена даже относительно удаленных предков по мужской линии фигурировали в женских именах, и далее часто унаследовались. Когда дочь из племени Курайш дома Хашима выходила замуж за знатного араба с гаплогруппой R1a, вероятного потомка митаннийских ариев, то их сын, разумеется, уже имел гаплогруппу R1a, но считался потомком дома Хашима и племени Курайш. И определенно нес в своем имени знатные имена дома Хашима. И сейчас потомки гадают – откуда у них гаплогруппа R1a, когда они хашимиты и курайшиты, и должны были бы иметь гаплогруппу J1a.

Так что эта интрига, над которой продолжают ломать головы многие арабы, довольно просто решается. Кто хочет и может, пусть предлагает свой, другой вариант.

В качестве иллюстрации того, над чем сейчас ломают головы арабские «генетические генеалоги» (воистину, как корабль назовешь, так он и поплывет; начнем с того, что ничего «генетического», то есть связанного с генами, там нет), приведем краткие переводы писем, опубликованные в конце настоящего Вестника, с моими комментариями.

Первое письмо начинается с того, что есть индонезийцы (здесь автор письма явно преуменьшает масштабы, хотя говорит уже о мусульманах, не только о арабах, так что название моей статьи тоже заужено), которые считают, что потомки пророка Мухаммада должны иметь снип J1a-L859. Мой комментарий - да, правильно считают, судя по имеющимся данным линия Мухаммада продолжается от Аднана и/или его прямых потомков

по мужской линии, в одном из которых примерно 3200 лет назад (хотя дата здесь не так важна, и со временем может измениться) появилась мутация L859, она продолжилась по всей цепочке до Абдуллы, отца Мухаммада, перешла на сына Абдуллы по имени Али, он же двоюродный брат Мухаммада и муж Фатимы, дочери Мухаммада, то есть к тому же зять, и продолжилась дальше через сыновей Хасана ибн Али и Хусейна ибн Али на все последующие поколения по прямой мужской линии. Как видим, Хасан и Хусейн не являются потомками Мухаммада по прямой мужской линии, но они его потомки с переходом по женской линии, через Фатиму. Тем не менее, мусульмане обычно называют их и их потомков «потомками Мухаммада», как и автор письма мне (descendants of the Prophet Muhammad). В таком ключе и решается загадка о том, как это потомки Мухаммада и Али, или дома Хашима в целом, могут иметь гаплогруппы J1a и R1a. Именно так, с переходом по женской линии и сохранением наследственных титулов. Возможно, как и было с рюриковичами, у которых сейчас насчитывается как минимум три гаплогруппы.

Но дальше автор письма пишет – но ведь король Сауд и другой Мухаммад, бин Абдул Ваххаб, тоже потомки Низара, внука Аднана, предка пророка Мухаммада? - и далее совершенно алогично ставит свой вопрос – значит ли это, что снип L859 – предковый у пророка Мухаммада?

Ну, то что он предковый у Мухаммада, мы давно поняли, и перечисленные два деятеля здесь ничего не меняют. Для справки – король Саудовской Аравии Сауд правил с 1953 по 1964 годы, есть ли у него снип L859 – мне неизвестно, просто арабы принимают на веру то, что им говорят книжники – раз сказали, что он потомок Низара (почему не деда Аднана?), значит, так оно и есть. По сути то же и с вторым деятелем арабского мира, который родился в 1703 году в Саудовской Аравии и стал лидером ваххабитов. Есть ли у него L859 – Википедия тоже ничего не говорит.

Но занятно то, что мусульманские «генетические генеалоги» не рассматривают цепочки снипов в генеалогии тех, кого обсуждают, они выхватывают L859, и только о нем говорят. То же и с FGC 10500, или FGC23310, которые, по их понятиям, находятся в одной линии, и это даже не проверяют. Отсюда и недоразумения. Поэтому и мой довольно резкий ответ первому респонденту, когда он сообщил, что я якобы связываю (по словам индонезийцев) Пророка Мухаммада со снипом L859. Я ответил, что с одним снипом никогда не связываю, я рассматриваю именно цепочки снипов, чтобы не путать разные ветви снипов. Подробнее – выше в этой статье.

Вернемся к цепочке снипов, приведенной выше, которая ведет к Абдулле и его сыновьям Мухаммаду и Али.

YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > Y3014 > Y352943 > S21237 > Y4348 > Y4349/FGC1723 > Y6074 > L859 > Y12869 > FGC10500 /Y12361

Как видим, нет причины выхватывать из этой цепочки только сноп L859, тем более безоговорочно принимать, что она ведет к другим знаменитым арабским и другим мусульманским деятелям.

В этой цепочке последние три снопки образовались, если считать по снопам, 3200, 1600 и 1440-1400 лет назад, соответственно. Поскольку имам Али, двоюродный брат Мухаммада, родился в 599 году (1426 лет назад), то можно принять, что это его сноп, тем более что большинство его прямых потомков, как арабские книжники определили еще задолго до снопов, имеют тот же FGC10500, и, соответственно, все вышестоящие снопы. Тем не менее, поскольку все снопы определяются усреднением по десяткам или сотням их носителей, то опыт показывает, что точность этих датировок в лучшем случае составляет не менее $\pm 10\%$. Поэтому приписывать индивидам в древности какой-то конкретный сноп, основываясь на датировках снопов, дело неточное. Обычно речь может идти только о двух-трех, а то и большем количестве снопов, которые можно приписать конкретному индивиду в древности. Первые шесть снопов в цепочке выше образовались, как сообщалось выше, 30, 29, 25, 24, 24, 24 сноп-мутаций, соответственно, или примерно 4300, 4200, 3600, 3500, 3500, 3500 лет назад, и эти датировки (как и числа снопов) могут сдвигаться вверх или вниз по мере появления лучшей по ним статистики.

Но мой респондент продолжает ходить по кругу, и опять спрашивает, могли ли у пророка Мухаммада быть предковый J1a-L859? Видимо, его гложет какой-то незадачный вопрос. На что я ему ответил, что по имеющимся у нас данным, это так, сноп L859 образовался примерно 3200 лет назад, задолго до времени жизни пророка.

Но «генетический генеалог» не унимался, цитирую – «но это все еще не отвечает на вопрос о связи между L859 и пророком Мухаммадом», потому что, по его понятиям, потомками Низара, внука Аднана, были еще семьи Тамим и Бани Ханифа, в составе последней – Бани Сауд. То есть, по понятиям респондента, Низар – общий предок всех перечисленных, как и пророка, но почему-то у них не нашли сноп L859...

Надеюсь, теперь читателю понятнее, почему продолжать такое большого смысла не имеет. На самом деле у них нашли «параллельный» сноп FGC23310, из «параллельной» ветви, которая также ведет от Низара, но отходит в сторону от линии Мухаммада. Но респондент, судя по всему, ветви не воспринимает. Для него всё линейно, как труба – что вошло с одного конца, то и вышло с другого. А респондент всё твердит – «почему FGC23310 не является общим предком для L859?». Да ветвь другая, вот и почему. А респондента всё заносит – «вы что, имеете в виду, что Али и

Мухаммад не являются потомками Аднана и племени Курайш?». Он даже не понимает того, что племя Курайш не является однородным по гаплогруппам, что там найдено много носителей гаплогруппы R1a, другой, чем у Мухаммада и Али. Но продолжает приводить «аргументы», цитирую – *«Пророк Мухаммад сам ясно указывал, что он из племени Курайш, и что он потомок Низара, сына Маада, сына Аднана»*. Ну и замечательно, что указывал, только у него своя Y-хромосомная линия, в отличие от других потомков тех же предков.

Пришлось эту переписку остановить, тем более что респондент начал «заводиться». Зачем мне это?

Второй респондент – мой старый эпистолярный знакомый, уже несколько лет как. Он тут же копирует мои ответы в чат, в котором более 800 человек, причем часто копирует и комментирует весьма манипулятивно. Это вообще свойственно, к сожалению, для многих арабских «генетических генеалогов». Но приходится с этим жить, не хотелось бы терять такую заинтересованную и многочисленную аудиторию, хоть и своеобразной ментальности. Самое важное для них – это цитировать Коран, но это их дело.

На этот раз этот мой респондент сообщает мне то, что сообщал за последние годы множество раз, а именно то, что некий специалист-доктор в «генетической генеалогии» сообщает, что пророк Авраам/Ибрахим, его сын Ишмаэль/Исмаил и пророк Мухаммад – все они имели гаплогруппу J1. Мой комментарий – ну, слава Всевышнему, как будто я это не знал.

Помимо того, респондент сообщает, что тот же специалист «пытается доказать», что все современные Саиды (Sayyids), которые имеют снип J1a-FGC10500, являются истинными прямыми биологическими Y-хромосомными потомками имама Али. И спрашивает – так ли это?

Я понимаю смысл его вопроса, потому что он задавал мне его много раз. Он сам считает себя потомком Али, но у него гаплогруппа R1a. И пытается найти ответ, чтобы оставаться потомком Али, и примирить с этим гаплогруппу R1a, который у Али не было, судя по имеющимся у нас данным.

Я ему это уже не раз объяснял, но он, похоже, не понимает. Имеется лишь один вариант ситуации, когда потомки одного и того же предка с одной гаплогруппой (J1a, как в этом случае) имеют другую гаплогруппу (R1a, как в этом случае), если, разумеется, нет ошибок в определении гаплогрупп, когда происходит переход по женской линии от родителя с одной гаплогруппой к супругу с другой гаплогруппой, и тогда сыновья приобретают эту другую гаплогруппу, но они все равно являются

потомками, правда, через женскую линию. При этом титулы и наследственность в социальном смысле сохраняются и поддерживаются в потомках. Так носители гаплогруппы R1a, особенно элитные, состоятельные арабы, производят себя сотнями лет в семейных генеалогиях из Дома Хашима. Так носители гаплогруппы R1a вытеснили значительную часть носителей J1a из Дома Хашима, и это было сотни лет назад и больше, а сейчас их потомки гадают, как такое может быть, чтобы тесты показали у них R1a, когда они ожидали J1a. Мир рушится. Но наиболее активные тут же вдвинули концепцию, что все правильно, и что Мухаммад и Али были R1a, как, скорее всего, и сам Авраам и его потомки. Это концепции, J1a и R1a как самые важные у арабов и мусульман вообще, и какая из них важнее, и противостоят друг другу сейчас в арабской среде.

Вот и респондент повторяет в очередной раз – *«я думаю, что вы верите, что Али и его потомки имели J1a-FGC10500? И что все курайшиты тоже являются R1a?»*

Он все еще надеется, что я скажу – нет, Али имел R1a, и вы, как его прямой наследник, тоже имеете R1a, что у вас и нашли. Но нет, приходится ему в очередной раз ответить, что я действительно полагаю, что Али и его прямые потомки по мужской линии имели и имеют J1a-FGC10500, а его потомки через женскую линию имеют ту гаплогруппу, которую когда-то унаследовали от брака с дочерью потомка Али, и она зачастую (или только, мы не знаем), R1a. Что касается оборота «все курайшиты» - это опять отражение линейного мышления, он никак не усвоит, что Курайш не эквивалентен гаплогруппе и снипу, это клан в прошлом богатых караванщиков, и гаплогруппы могли там быть любые. Какие-то, возможно, перевешивали, сейчас перевешивают, возможно, R1a.

Но борьба в арабском мире продолжается. Там создали «Проект курайшитов» на базе тестов FTDNA, и его организаторы, со свойственной многим арабом манипулятивностью, выбросили оттуда носителей R1a и оставили только J1a, скопировав их из других Проектов. Поэтому активисты R1a ведут другой Проект, теневой, в котором собирают курайшитов гаплогруппы R1a. Это и описано, с примерами, в моей книге «ДНК-генеалогия арабского мира», которая недавно вышла.

Вернемся на немного к последнему респонденту. Он продолжает – *«но вы не решили загадку, которая продолжает оставаться загадкой и сегодня, что доктор из Ливана, который является администратором Проекта FTDNA по курайшитам, сообщает, что под снипом BY49997 нет никого из семейств Rizvi, или Taqavi, или Naqavi, а ведь этот снип есть, согласно этому доктору, у святого Имама Jaafar al Sadiq»*. На самом деле никакой «загадки» там нет, есть непонимание цепочек снипов. Вот где находится указанный снип

L859 > Y12869 > FGC10500/Y12361 > FGC30416 > **BY49997**

Иначе говоря, святой Имам Jaafar находится среди прямых потомков имама Али по мужской линии, последний здесь снип образовался всего на сотню лет позже снипа FGC10500, который предположительно имел имам Али. А указанные выше еще три семейства под этим снипом не находятся, только и всего. Тем более что их гаплогруппы и снипы мой респондент не привел. Так что никакой «загадки» здесь не вижу.

Гаплогруппы с севера Китая 4800-3650 лет назад

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Данная короткая статья ниже не претендует на глубокое исследование. Она просто пытается систематизировать серию китайских гаплогрупп до прихода на их территории ариев. Арии не изменили, во всяком случае значительно, состав гаплогрупп в Китае, хотя на северных территориях они в ряде районов составили до 30% мужского населения, но в целом по Китаю арийские гаплогруппы R1a-Z645-Z93 составили всего несколько процентов. Тем не менее, остается неясным, какие технологические и культурные достижения они принесли в Китай. Это – предмет будущих исследований историков.

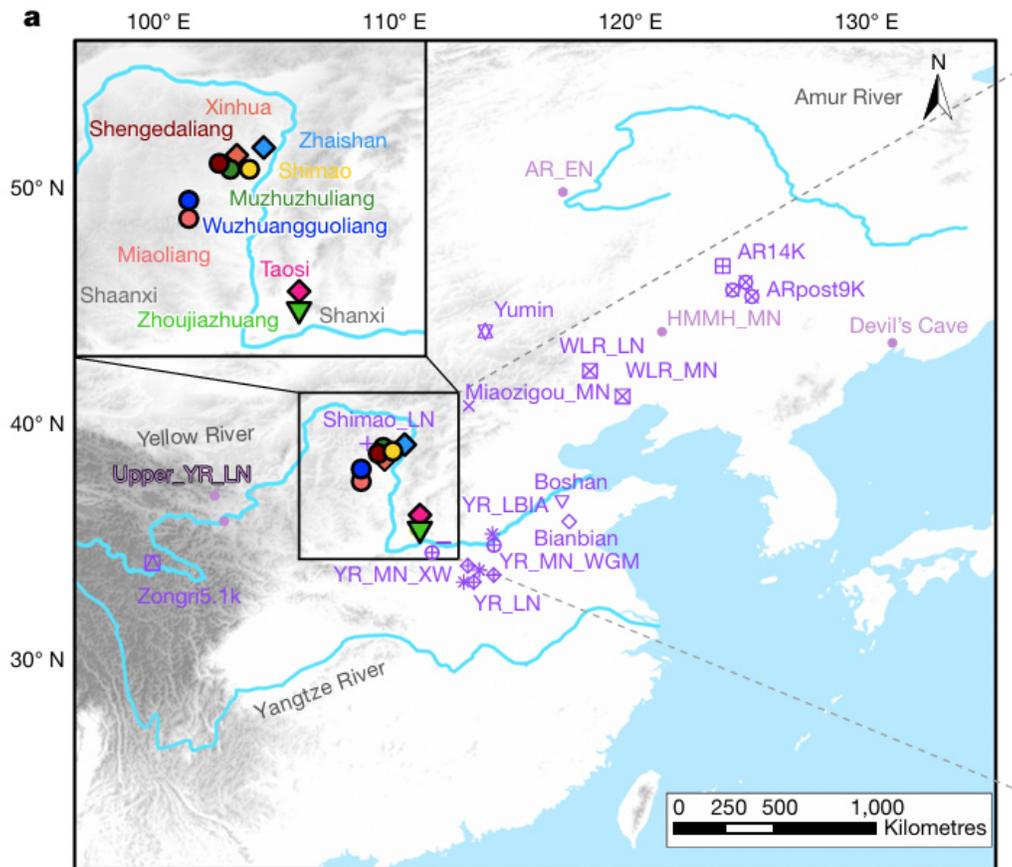
В конце 2025 года в журнале Nature вышла статья китайских авторов¹ под названием «Древние ДНК из города Шимао дают сведения о кровных родственных отношениях в неолитическом Китае». Как видно из названия, статья не о ДНК-генеалогии, но в Приложении, как обычно у популяризаторов, приведен список гаплогрупп из древнего Шимао, которые в самой статье не упоминаются. Точнее, один субклад гаплогруппы O упомянут в статье как тот, который найден в ряде склепов. Дальше этого обсуждения гаплогрупп не было. Снимков не было и в приложении, ясно, что авторов статьи это не интересовало.

Поскольку, судя по датировкам захоронений, самые ранние были еще за тысячелетие (и больше) до прибытия ариев в Индию, и за 700 лет до прибытия ариев на Южный Урал, ясно, что носителей гаплогруппы южных ариев, R1a-Z645-Z93 с последующими снип-мутациями, встретить среди захоронений в Шимао не ожидалось. Поскольку еще неясно, были ли в Сибири, в Индии, и в Юго-Восточной Азии носители архаичных R1a, которые не ушли в Европу, но таковых в выборках Шимао тоже не оказалось.

На карте ниже показано положение Шимао и других мест, откуда из склепов брались выборки ДНК. Видно, что это на широке Кореи в севернее, вплоть до Амура.

3113113113113111_____

¹ Chen Z. et al. Ancient DNA from Shimaо city records kinship practices in Neolithic China. Nature, online edition (November 26, 2025), 1-14.



Разочарования авторами статьи продолжались при переходе к Приложению. В статье 2025 года авторы использовали номенклатуру субкладов 11-летней давности, ISOGG-2014. Снимов, конечно, не дали, дали буквенно-цифровые индексы субкладов, соответственно, давно вышедшие из употребления. Самый часто встречаемый субклад был O3a2a, но индексов с O3 в номенклатуре давно нет. Этого субклада было 19 образцов из 21 в гаплогруппе O. Совершив некую акробатику, удалось установить, что сейчас это O2a2b-P164. Но толку от этого мало, поскольку он образовался 22 800 лет назад (по оценкам YFull), тогда же, когда и исходный R1a, и настолько же информативен. Но скелеты с ним датируются (для всех 19 образцов) в интервале 4230-3650 до 3970-3650 лет. Еще два образца гаплогруппы O были (опять же в устаревшей системе) O2 и O3.

В соседней гаплогруппе есть шесть образцов – три NO, два N1c (опять устаревшая номенклатура, это стало N1a в 2017 году, 9 лет назад), и один N, диапазон датировок для всех шести – между 4830-4530 и 3980-3850 лет назад, то есть верхний диапазон древнее на 600-900 лет по сравнению с гаплогруппой O.

Наконец, еще 15 образцов относятся к гаплогруппе С, из которых 13 относятся к (устаревшей 10 лет как) гаплогруппе С2е2, теперь это С2b1b-F845, и по одному образцу гаплогруппы С и (устаревшей) С2е1, теперь это С2b1a-Z1300. Не могу понять, как это китайские авторы дали в Приложение к статье нечитаемые индексы гаплогрупп, причем без снипов, то есть найти их почти невозможно. Более того, из 26 авторов статьи никто это не заметил. Впрочем, это же популяционные генетики...

Еще одно наблюдение. Обычно ДНК-генеалогию упрекают в том, что мы не обращаем особого внимания на женские, мтДНК. Мы обычно отвечаем, что внимание обращаем тогда, когда они информативны для решения определенных задач. Например, без них трудно было понять, почему одни скифы с гаплогруппой R1a говорили на индоевропейских («индоиранских») языках, тогда как другие с той же гаплогруппой говорили на тюркских языках. Впрочем, это лингвисты до сих пор отрицают, несмотря на множество доказательств, которые приводят тюркологи, среди которых и образ жизни части скифов, и их питание, характерное для тюрков. А ДНК-генеалогия обратила внимание на то, что в захоронениях скифов алтайского круга часть скифов имели типичные «европейские» мтДНК, а часть (и немалая) – «восточно-азиатские» мтДНК (А, С, D, G). Иначе говоря, матерями тех, последних скифов были местные, алтайские женщины, определенно говорившие на тюркских языках. Вот эти, последние, и усвоили материнские, тюркские языки. Но такие случаи редки, обычно мтДНК настолько различные, и это при довольно стабильных гаплогруппах Y-хромосомы, что особого толку от тех мтДНК нет.

Поэтому было интересно посмотреть по древним китайским мтДНК, какие они, насколько многообразны по сравнению с Y-хромосомными. Понятно, что в обсуждаемой статье это не рассматривалось и не упоминалось. Так вот, при четырех видах Y-хромосомных гаплогрупп, описанных выше (O, NO, N, C), расходящихся на 9 субкладов, у тех же мужчин имеется 48 гаплогрупп-субкладов (!) мтДНК. Из них максимальное представительство у D (11 образцов), G и N (по 7 образцов), B (6 образцов), A и M (по 4 образца), и далее идет уменьшение к гаплогруппам F, Z, R и C, не упомянутых выше в числе «восточно-азиатских», соответственно 3, 3, 2 и 1 образцов.

Женских образцов мтДНК было значительно больше, общим числом 164. Из них максимальное представительство было в гаплогруппах D, B, M, F, G и A, их было соответственно 48, 21, 20, 19, 17 и 17, всего 142, то есть 87% от всех. Остальные были менее представлены, а именно C (8 образцов), N (5), R (4), Z (3), Y и H (по одной). То есть с некоторыми натяжками китайские мтДНК действительно соответствуют набору «восточно-азиатских» мтДНК.

**Тюрки, индоевропейцы, турки, хазары,
ашкенази, русские. К недавней дискуссии на
сайте Academia.**

**Turkic, Indo-Europeans, Turkish, Khazars,
Ashkenazim, Russians. A Recent Discussion on
the Academia site**

Anatole A. Klyosov

www.anatole-klyosov.com

A new discussion arose at the end of January, 2026, initiated by Kaan Arslanoğlu. His paper "*The Turkic Jewish Khazar State and the Turkic Origins of the Ashkenazim and the Russians*" starts as follows:

Kaan Arslanoğlu, January 18, 2026.

Dedicated to Anatole Klyosov.

Between the sixth and tenth centuries, the Khazar Turkic Khaganate ruled over a vast territory in Eastern Europe and emerged as a great and powerful state that left a deep imprint on world history. It constituted the origin of the first Rus' polity and of several other states. The roots of the Ashkenazi Jews – and indeed of all Jews of Eastern and Northern Europe – lie in Khazar Turkic society. The well-known saying, "Scratch a Russian and you'll find a Tatar," recorded even in the Oxford Dictionary and widely recognized both in the West and in Turkey, was not coined without reason. In many respects, the Khazar Turkic state may also be regarded as the first Rus' state. At the same time, it was the largest and most powerful Jewish state in history; excluding pre Common Era polities, it may be considered the first modern Jewish state.

Mainstream pseudo-scientific narratives are unable to explain why the Ashkenazim suddenly emerged in a specific geographical region, nor can they adequately account for why the Ashkenazim constitute a branch entirely distinct from the Sephardim. Instead, they advance speculative and unfounded hypotheses. By contrast, we are able to explain this phenomenon on a solid analytical foundation. Early Ashkenazi Jews did have some Hebrew-Levantine ancestry. Yet I believe that Turkic-Rus' origins were far more dominant. This lineage continued over the last millennium, although it is now debatable whether Levantine or Turkic ancestry is the prevailing one.

* * *

In fact, Ashkenazim and Russians were not the focus of the presented paper. They only serve as a background for the principal concept by Kaan Arslanoğlu, that is all (or the most) Eurasian languages originated from Turkic language(s). Also, that Indo-European languages are an artificial construct created by linguists. The rest of the paper represents only variations of his principal concept. Of course, I personally have nothing to do with this concept, as it will be clear from the discussion below.

The reason why I showed up in the discussion (I commonly avoid that kind of discussions where participants, typically non-specialists in the subject under discussion, discuss everything except the matter presented for discussion), was that one of those non-specialists (though he thinks, of course, otherwise) dropped that most of my studies are “wrong”. He invoked my name only because it flashed in the beginning of the paper, see above. Hence, the first part of the discussion was between him and me. It seems it is of interest, because it illustrates how negative comments are thrown away without any support.

Here is how it went. Joe Flood (RMIT University, AHURI-RMIT, Melburn, Australia, Adjunct; AHURI is the independent Australian research Institute dedicated to housing, homelessness, cities and related urban research) has addressed his comment to Kaan Arslanoğlu as follows:

Joe Flood

1 day since the beginning of the discussion

Sorry but very little chance that most of what you say is true (or for that matter, most of Klyosov's work, though I sometimes quote him).

Anatole Klyosov

2 days

Dear Joe, I would appreciate it if you commented (not necessarily here, since it is a different topic) what "most" of my work is "not true". I am intrigued. To politely reciprocate, I would just mention that your works I do not even quote, since I could not find anything novel or original there.

Regarding "Scratch a Russian and you'll find a Tatar", one cannot take it literally, since their haplogroups-haplotypes-SNPs are largely different. E.g., main haplogroup in Tatars is R1a-Z93, which is practically absent in Russians, who have R1a-Z280 and R1a-M458. Unfortunately, we do not have ancient DNA data from Khazars, except two R1a-Z93 (published in 2017), which are quite remote from present-day R1a Jewish samples.

Joe Flood

2 days

Ah nice to hear from you Professor Klyosov, and that you are still with us. As stated, I have frequently taken your work into account. My beef is not with you but the entire Reich school, which has been publishing their nonsense for over ten years. In June I sent my last paper "Clans, Caucasus and Copper" , which completely debunks all their work, to Reich, Lazaridis, Haak, Allentoft, Olalde, Anthony, Wang etc etc. Not a word in reply for any of them. They know they are wrong but have kept quiet about it for a very long time. All my genetic genealogy papers are at <https://rmit.academia.edu/JoeFlood/DNA>. They include some of Academias' most viewed papers. I'm sure you can find something of interest there.

Joe Flood

3 days

By the way Prof Klyosov, I have puzzled for a long time over the early history of R1a - and have somewhat changed my opinion since my R1a paper. From what I can see, the first Z93 found was in Trypillia around 3300 BC. They expanded rapidly around the forest steppe, probably from the Baltic. After the annihilation of the Volga Yamna, the Poltavka/ Andronovo were pretty much Z93>Z94 and that is what became the Aryans. The rest of Z93 was Srubnaya and worked their way back through Ukraine and down toward the Caucasus. Later tribes from the Volga necessarily had a fair bit of Z93*. They were definitely Russians, though from further east than the Corded Ware Z282s.

Anatole Klyosov

5 days

Dear Joe, let me clarify a few things. First, I do not like exchanging negative remarks in public gatherings, like this one, unless someone insults me in public like "most of his works are not true" without giving any specific example of my works being incorrect. Second, which is a follow-up of the first one, my academic upbringing teaches me, and I expect it from others as well, that when one criticizes a colleague, it is unethical to give such blanket negative remarks as "his works are not true", which is easy to do to literally everyone, hence, it is irresponsible. For a true (and ethical) scientist, you should not only splash a negative comment, but which is very important, to suggest HOW it should be

corrected. It would show that you know the "true" answer. In other words, that you are qualified to criticize, and you know better than the person you criticize.

That is why I suggested that you indicate, specifically, what is incorrect in my data or their interpretations, and what you would suggest, also specifically, to correct them, to offer better explanation, based on specific data. As I have noticed, you dismissed, in the same manner, "*the entire Reich school, which has been publishing their nonsense for over ten years*". Please note that I do not disagree with your "statement", but I define it as non-ethical. You should not splash dirt at scientists (as well as to no one) without explaining why you think so. It might well be that you are just not qualified in making such "statements". It seems that you are not qualified in DNA genealogy, and as soon as you explain what is "untrue" in my works, I probably can easily show that you did not understand the matter.

The reason why I am describing it here concerns as well the study (studies) by Kaan Arslanoglu. It seems that folks who negatively comment on him and his studies either do not understand them, or cannot suggest HOW it should be corrected, quoting actual data, which would support their point of view.

Now, I will explain my words that "*your works I do not even quote, since I could not find anything novel or original there*". In order that your work to be noticed, you should employ your "own" methodology; either professional archaeology, hence, recovering material evidence, which justifies your conclusions; or professional linguistics, or professional genetics, or, as in my personal case, professional analysis of mutations in Y-chromosome employing chemical and biological kinetics, which is my specialty for the last more than 50 years.

Glancing through your publications, that last one, I believe, is "Clans, Caucasus and Copper" (2025) I do not see any particular methodology. In fact, it is just a compilation, a salad from various observations made by other people, with their professional methodologies. There is a problem there: since what you consider in your papers is not a product of your own methodology, you make many "copy and paste" mistakes. I mean, copy from other researchers, when you do not quite understand the matter. You write, for example, that R1b-M269 appeared in the Balkans some 3000 ybp (from my memory), however, R1b-M269 arose 88 snip-mutations, that is about 12,700 years ago, apparently, in South Siberia (though nobody knows for sure). You call R1b-Z2103 "exotic", though it was the main snip (SNP) in Yamnaya, and spread down South to Caucasus, Anatolia and the Middle East. It might be exotic to you; however, it is one of the major snips in Eastern Europe and Asia.

I can give dozens of similar examples from your publications; however, we consider here a different subject. It is not a surprise to me, that Reich, Haak and others did not respond to your paper which you sent them, because for them it is not a professional work. They would react to new data, obtained with

professional methodology, but not to a compilation, reflecting your views on data, obtained by others. Regarding the principal subject, advanced here by Kaan, I could present here many new (sic!) data on Ashkenazim and Sephardim, obtained by me, however, not after such a voluminous text. Maybe next time.

Anatole Klyosov

5 days

Dear Joe, Comments in this thread remind me that for many folks' history is a game of opinions and retelling opinions. When they quote (sometimes) some data, they commonly do not know (and apparently do not have any interest in) how reliable those data are, and how they correspond with other data in the same category. You have mentioned that you "*changed my opinion since my R1a paper*" ["my" means yours in this case]. I wonder how did you obtain data for your R1a paper? Which methodology have you employed in obtaining those data? Or in analyzing them? This is a rhetorical question, I guess. Now a few comments on what you have mentioned.

(1) "*the first Z93 found was in Trypillia around 3300 BC*". Yes, this was a sample named GLAV14 from Romania. Unfortunately, it was the only Z93 sample from that site; besides, Z93 arose 32 snip-mutations ago, which is about 4600 ybp, noticeably later than the sample in Trypillia. As many as 24 R1a-Z93 samples were found in Fatyanovo archaeological culture in various burials in Yaroslav region in Northern part of Russia.

(2) "*They expanded rapidly around the forest steppe, probably from the Baltic*" (?). Where did you get that? Fatyanovo was not on the Baltic.

(3) "*After the annihilation of the Volga Yamna*" (?) Where did you get that? Around 4% of present-day Russian men carry R1b-Z2103, a predominant haplogroup in ancient Yamnaya archaeological culture.

(4) "*the Poltavka/Andronovo were pretty much Z93>Z94*" (?) We know 9 ancient samples from Poltavka culture:

- R1b-M269 > L23 > Z2103
- R1b-M269 > L23 > Z2103
- R1b-M269 > L23 > Z2103
- R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106
- R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 (= Z2109)
- R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 (xKMS75)
- R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > KMS67 > KMS75* (= Y20993*)
- R1b-M269 > L23 > Z2103 > Z2106 > Z2108 > KMS67 > KMS75* (= Y20993*)
- R1a-M459-M198-M417-Z645-Z93-Z94-Z2124

As you see, 8 samples are R1b, and one R1a, apparently from Fatyanovo or Srubnaya cultures.

(5) "*Later tribes from the Volga necessarily had a fair bit of Z93*. They were definitely Russians*" ... (?) Russians do not have R1a-Z93, maximum that they have it is around 1% or less.

Do you need a conclusion?

Joe Flood

5 days

You really want a long description of everything you got wrong? You are not alone, so did everyone else, because they had no data. In the words of Reich, "we are all wrong". Also, quite frankly, I did not expect you to pop up here, and the blanket endorsement of your work by this author rankled. Anyway, so what? I am only too happy to be proven wrong. I learn far more that way than by being right (when I learn nothing).

Anatole Klyosov

5 days

Joe, O.K., I understand. You did not expect me to show up here, and behind my back you kicked in "most of his works are not true". When I confronted you with a requirement to provide a specific example, you could not, shielding with a silly "we are all wrong". However, you did not stop with the groundless insult regarding "*a long description of everything you got wrong*". Yes, sure, I would love to see it, because it would prove again your low qualification in considering DNA data of ancient world, as I have already shown in my preceding comment. At least for the last twenty years nobody was able to show when and how I was "wrong", and every time it turned out that "critics" did not understand data and their interpretation, supported by other independent data. Read again my last comment and try to understand why I dismissed the data and descriptions you copy-pasted from other sources. If you arrange a discussion between us (and other folks willing to join) in this resource, I will gladly go for it.

Joe Flood

6 days

Anatole, re your Z93 comment on the origin of the Fatyanova. We can say several things 1. R1a Corded Ware and Fatyanova emerged from the same

location 2. All Fatyanova remains (so far) are descended from a single man, who was probably R1a-Z93.

The second point is most peculiar, as it means that they did not take slaves, form close alliances or adopt boy children from the hunter-gatherers they encountered in their expansion. As to the point of origin, that is always speculative, as it takes several hundred years to build up numbers in a new haplogroup, until it might be found in ancient DNA. Wikipedia borrows from Allentoft, who shows them (reasonably) emerging from a point in the Belarus forest. This is presumably because Corded Ware style pots were found in north Ukraine somewhat earlier.

A case can be made that they came from further north or west, since a) they have a high proportion of autosomal ANE b) there was an ongoing presence of R1a in Estonia from 4000 BC c) it would be fairly easy to skip across the lakes from Estonia, exhausting the resources of each, until the Volga was reached. The Fatyanova were not the first to do this. The early Z93 samples come from the Moscow-Yaroslavl area. However, it seems they were just passing through. After the (probable) famine of 2200 BC they all seem to disappear from what were quite large settlements along the Kazan-Kama stretch of the Volga and reassemble almost totally in the south Urals. Also most peculiar. You are quite correct, there is now no Z93 to speak of in European Russia today except in the NW Caucasus (40%+ of population) and SW Urals (48%) - both refuge areas. In terms of DNA dating, the confidence limit for Z93 stretches from 3300BC to 2100BC. I incline toward an early date such as 2900 BC.

Anatole Klyosov

7 days

Joe,

1. "R1a Corded Ware and Fatyanova emerged from the same location". Where did you get it? Science does not know it. Yes, they are neighboring, however, do you seriously think that neighbors always "emerged from the same location"?

2. All DNA samples from Fatyanovo (24 samples) (4900-4000 ybp) are R1a-Z93. Not a single R1a-Z93 was found thus far, despite 44 R1a samples was found in Corded Ware (5200-4500 ybp). Most (or all) of them seem to be undertyped (that it stopped above Z93).

3. "*All Fatyanova remains (so far) are descended from a single man, who was probably R1a-Z93*". I noticed that you love a cliché "descended from a single man", however, this cliché is rather senseless when you have not determined the time

to that "single man". It goes by definition that every bearer of haplogroup or SNP "descended from a single man". Just to say so it is senseless without a proper context. Otherwise, it does carry any historical significance.

4. "*Corded Ware style pots were found in north Ukraine somewhat earlier.*" So what? Does it say somewhat specific re. the origin of haplogroups or SNP (snips)?

5. "*presence of R1a in Estonia from 4000 BC.*" So what? R1a-YP1306 was found in Archangelsk region (North of Russia) and dated 10 750 ybp. R1a-M459 was found in Ukraine.

6. "*However, it seems they (R1a-Z93) were just passing through.*" It is a rather empty phrase. Where "passing through"? In what direction? What does it give you for ancient history? The more I read your writings, the more I see that Kaan was right. You speak with empty phrases, leading nowhere. I wrote dozens of pages on R1a-Z93, their common ancestors (in Fatyanovo in particular, also in India, China, Middle East, Afghanistan, Altay, etc.), their migration ways, across Eurasia, analysis of their burials, their snips along their migration ways, etc. And I have analyzed the data myself, not copy-pasted.

7. (Z93) - "*NW Caucasus... and SW Urals – both refuge areas.*" If you intend to explain it to me, you picked the wrong person. I wrote books on R1a-Z93 (and all other haplogroups) in the Caucasus, and books on R1a-Z93 in South Urals and from there to Altay, China, India, Mongolia, Middle East, etc. And on Z93 Ashkenazy, by the way. This is just for your orientation.

Joe Flood

7 days

Anatole, sorry I am in the middle of publishing three very different books right now and don't have the time. I understand that you may have been upset by unsupported criticism in the past. Personally I'm not very interested in the kinds of uninformed attacks on you I see, I could just as easily be the victim. I see we agree on a number of issues, for example, that R1b spoke centum while R1a spoke satem. However, I will be interested to hear how you explain R1b in Villabruna and the Iron Gates I will give your work the proper attention when time permits.

Anatole Klyosov

8 days

O.K., Joe, I accept that your "criticism" was unsupported. It seems it was a "copy-and-paste" from some ignorant folks.

(1) On R1b-centum and R1a-satem, it is not a big deal to recognize it, it was known since the time immemorial (though there are many exceptions and dubious things in this concept). It is not a big deal to acknowledge it, but it is much harder to explain the origin of the difference, and the time when it originated. I can give a hint; however, I would leave it for linguists to prove or disprove my explanation.

The break between the two Indo-European dialects occurred at the end of the II - the beginning of the I millenniums BC, and started with Kelts, who were the first in (Central and Western) Europe who spoke IE language. It seems that the first Kelts were R1a and arrived from Lusatian archaeological culture (3200-2400 ybp), neighboring to the "Austrian" Kelts. It could not be necessarily Lusatian, it might have been Thracians or Illyrians, however, R1a was a must. After that IE language spread through (Central and Western) Europe as a wild forest fire. It took only a few centuries before IE languages conquered Europe. Look at a map describing spread of Kelts all over Europe in a few centuries, however, it was not a military spread (unknown in Europe those times), it was a spread of IE languages.

Before that Central and Western Europe, that was R1b-Europe, spoke agglutinative languages, similar with "Turkic" or "Proto-Turkic" languages by their structure, what is Kaan Arslanoglu tries to explain here. Basically, he is right, though it is not "Turkish", but "Turkic" languages, or whatever you call them. I coined them Arbin language (2012, *Advances in Anthropology*, No. 2, 87-105), since R1b-people carried them for many thousands of years, from South Siberia across Eurasia, through Yamnaya archaeological culture (R1b-L23-Z2103), and R1b-L23-L51-L52-L151-(P312 +U106), a "brother" of Z2103, brought them to Europe. Yamnaya has never had IE languages, and its main Z2103 did not make to (Central and Western) Europe. Haak and Reich (*Nature*, 2015) made a fatal mistake, they overlooked that Z2103 did not make to Europe, instead, Z2103 went South, across the Caucasus to Anatolia and the Middle East (Assyrians, Kurds, Arabs, etc. have R1b-Z2103, not Europeans). Even now many European languages have a "substrate" of unknown origin, but agglutinative, Proto-Turkic of Arbin, whatever and however one calls them. The Basques have a similar remnant language structure. It is a tentative explanation why two parts of IE languages, Western and Eastern, the first is relatively new (3000 years old), the second is ancient (at least 6000 years old and certainly older) have different dialects.

(2) R1b in Villabruna. Do not take it seriously. It is an outlier, only a single sample, and falls out of everything. It could be a "human mistake".

(3) R1b in Iron Gates. Easy. It is mainly R1b-V88 plus a few archaic R1b samples, dated some 10 000-7 000 ybp, which is not unusual for R1b (similar dates are in Ukraine, with also similar archaic samples). R1b-V88 mainly left South for Central Africa, and there are now hundreds of thousands, if not millions of

their direct R1b-descendants in Cameroon and Chad. I considered them in 2010, and their common ancestors lived about 4000 ybp. Some of R1b-V88 left for the Middle East, and there are many of them now among Arabs.

Joe Flood

9 days

I hope you are not referring to me, Anatole, I am a data analyst with a global reputation. The analysis of data, particularly data in poor shape and with missing values, has been my bread and butter. Data "talks to me" and I am almost never wrong. When I am wrong, I like it because it means something peculiar and unexpected is going on.

The original 2019 R1a paper was done using data scraping from about 60 FTDNA projects, resulting in about 20,000 records - the size of database with which I like to work. The new paper is mostly about solving the long-term problem of the anomalous hotspots for R1b in Armenia and the south Urals. I also have something to say about R1a-M417 subclades, which will be a theme in my forthcoming book. As stated, the data used in the new paper is the excellent database of Quiles, which contains virtually all the ancient DNA samples from papers up to about 2021. To that, I have added more data from recent papers as appropriate,. I also make extensive use if the Y-haplotree, as downloaded from FTDNA. Ancient DNA, I'm sure you are aware, is not good data. It is in no sense a random sample of past populations, and is subject to virtually every kind of bias. Not the least of which is research selection bias, in which many researchers go looking specifically for ancient data that might support their personal hypotheses. There is no attention whatsoever to refutability, which is the core of scientific method. Nor any attention to common sense, which must always be the core of any argument. I'll answer your specific statements above separately.

Anatole Klyosov

10 days

I quote you: *"Data 'talks to me,' and I am almost never wrong. When I am wrong, I like it because it means something peculiar and unexpected is going on."*

The first sentence reflects your personal belief. As for the second, I am glad that I have given you many examples where you were, in fact, wrong. There was nothing "peculiar" about those cases, and if anything was unexpected, it was unexpected only for you. It is clear that you are not sufficiently familiar with the available DNA data, and even when you mention some of it, you often place it in the wrong context.

You know why I am so critical of your data and its interpretations. That is how scientific discussion works. If someone — in this case, you — makes unsupported accusations against a colleague, and it later turns out that those accusations were wrong, an apology would be appropriate. Instead, you continued by presenting a series of additional errors, each of which I demonstrated to be incorrect. Given your earlier statement, you should welcome such situations.

One more example. You wrote: *“The new paper is mostly about solving the long-term problem of the anomalous hotspots for R1b in Armenia...”*

First, one should not write simply “R1b” when discussing specific regions. A professional would specify R1b together with the relevant downstream SNP defining the lineage in question. If that were done, it would become clear that there is neither a “long-term problem” nor an “anomalous hotspot” in Armenia. The reason is straightforward: haplogroup R1b contains 1,114 downstream SNPs according to ISOGG, and more than 5,000 according to YFull. Referring only to “R1b” without specifying the defining SNPs indicates a lack of understanding of ancient DNA history and results in an overly superficial interpretation.

Another quote: *“I also have something to say about R1a-M417 subclades.”*

Fine. Are you aware that M417 has 721 downstream SNPs? What new information could you add that is not already known to specialists? Would it simply be another compilation?

As you can see, I am challenging your statements, particularly considering the earlier unsupported criticisms for which no apology was offered.

Joe Flood

11 days

Anatole, while I agree with the general thrust of what you have to say, and agree that R-Y2630 is a significant Jewish lineage, I would have to say that it is too late. All the other branches of R-Y2619 (median data around 700AD) are also mostly Jewish, especially BY29826 and FGC18222. I don't think we can go back further than that. Interestingly, a branch of my own haplogroup R1b-U106>>FGC8564 appears at the same time or a little earlier among the Ashkenazi, which is what got me interested in this subject in the first place.

Anatole Klyosov

11 days

Joe, I do not understand what the point of your first paragraph was. It is nice that you agreed that R1a-Y2630 "is a significant Jewish lineage", however it does not need any "agree", it is there. I wrote books about those lineages. It is nice that you mentioned three other Ashkenazy snips, but, again, what your point was? Y2630 > Y2619 I mentioned in my preceding text (above), and the other two, BY29826 and FGC18222, are ordinary snips among a few dozen Ashkenazy snips. Again, I wrote books about them and received several Jewish awards for that. Considering this, I did not get what is "I would have to say that it is too late"?, as well as "I don't think we can go back further than that." Further than what? Further than said snips? There are dozens of lineages downstream from them, they are all documented in my works. One more thing: you are wrong with "around 700 AD" for R1a-Y2619, it arose 17 snip-mutations ago, which means 2450 years ago. I wonder how do you calculate those dates, or it again "copy-and-paste?"

Yes, indeed, R1b-FGC8564 arose 10 snip-mutations ago, that is about 1440 ybp. Certainly, 6th century AD saw many events, including FGC8564 formation. I would not look for any connections between those events based only on time.

* * *

Below is a discussion with Kaan Arslanoğlu.

Anatole Klyosov

5 days

Dear Kaan,

To avoid confusion and to clarify better your thoughts and data, you should define "Origins" in your paper. "Turkic" could be language, culture, and heritage, the latter embraces in a certain way the first two, under certain conditions in a certain context. The Russians by all means are not Turkic; they speak a different language, which belong to Indo-European family for at least 5000 years, and share 54% of the basic lexicon with ancient Indians, whose ancestors left Fatyanovo archaeological culture around 4500 years ago.

The Russians do certainly belong to a different culture and do not follow the Koran. Of course, one can find many Turkic words and roots in Russian language, as in many European languages as you rightly described in your paper. However, talking on Y-chromosomal features, which reflects the DNA-genealogical origin, the Russians are principally different from any Turkic peoples. 52% of Russian bear R1a-Z280 and R1a-M458, while R1a of Turks is typically R1a-Z93. All the three diverged from R1a-Z645 around 5000 ybp (Z280 and M458) and 4500 ybp (both with Z93).

The Russian males do not have J2 haplogroup which is significant in the Turks. In fact, none of haplogroups are shared in a significant degree between Russians and Turks. A similar situation with Ashkenazim and Turks. They speak other languages (Yiddish, as the main Ashkenazim language) than Turks do, and their haplogroups and snips are different than those in Turks. The main SNPs in Ashkenazim are R1a-CTS6 (with downstream snips) which one hardly find in Turks. Other haplogroups Ashkenazim have borrowed from many different peoples, and the Turks are not predominant among them.

Ashkenazim used to speak Yiddish, which is similar with German, however, you would not say that Ashkenazim have originated from the Germans. They borrowed very many words from Russians, since they lived for centuries in the Russian Empire and then many of them lived in the Soviet Union, however, you would not say that they have originated from the Russians. Loanwords are not "the origin". Switched language is not the "origin". You are quite right in collecting very many words and their roots which certainly related to Turkic languages; however, you would be better off if carefully separate "origin" (such as the DNA-origin) from "loan words" or "loan roots of the words".

Kaan Arslanoglu

5 days

Dear Anatole Klyosov,

It is both a pleasure and an honor that you have joined the discussion and written a comment on my article. Taking this opportunity, I would like to summarize the points on which I disagree with you, and to ask you several questions about certain issues that I do not fully understand and would like to clarify. I do not have a level of knowledge in ethnic genetics that could be compared to yours. In fact, I have learned this subject largely from you.

I am not in a position to challenge your genetic inferences. However, we do not fully agree on the definition of who is a Turk and who is a proto-Turk. As I understand it: FIRST there were the Turanians... Roughly 10,000 years ago (somewhere between 5,000 and 15,000 years ago), there existed a group of peoples that dominated all of Eurasia. Earlier scholars generally referred to them as Turanians. These Turanians spoke agglutinative languages and lived

sometimes within nomadic cultures, sometimes within urban civilizations. These are the peoples I call Turkic or Proto-Turkic. Sumerians, Hittites, Scythians, Kushans, and even Brahmins and some Chinese dynasties, as well as Pelasgians, Etruscans, Trojans, Parthians, Elamites, Tocharians, Dravidians... peoples bearing Turkic names or displaying characteristics similar to Turkic culture... Turanians spread across an enormous geography. All peoples who spoke Proto-Turkic are Turkic. Their mythologies, the names of their heroes, and their religions resemble one another. All fundamental concepts related to civilization show commonality – both in meaning and in sound – regardless of whether the haplogroup is C or Q, J or R, G or I.

The Turks, under the names Hun, Göktürk, or Turk, and speaking languages closer to modern Turkish, emerged about 2,500–3,000 years ago. If you define “Turks” strictly as these groups and their descendants, you are right. Genetic findings support you. If you say that Turkish is only the language of these groups, you are also right. Linguistic evidence supports you there as well. But then, what can anyone say when I demonstrate hundreds of shared concepts and words between Native American languages – 20,000 years old – and Turkish? Or when we show that out of a few thousand deciphered Sumerian words, more than 500 are shared with Turkish? Sumerian is an agglutinative language similar to Turkish. These cannot be “loanwords.” Fundamental concepts that are 20,000 or 5,000 years old cannot be loans. AN ANCESTOR DOES NOT BORROW BASIC WORDS FROM DESCENDANT; the descendant learns language from the ancestor.

And what about grammar, syntax, sentence and word structure? Grammar cannot be borrowed. I have demonstrated, one by one, Turkic remnants in Indo-European grammar. I have shown how English and German grammar evolved from Turkic-Turanian languages and from Turkish itself. In fact, the great early masters of linguistics (for example, Max Müller) already stated that Indo-European grammar derived from the grammar of Turanian languages. My claim is this: the ancestors of the peoples called Indo-European were Turanian, Turkic peoples. Nearly all of the defining concepts of the Aryans are Turkish. Isn't that ironic? But that is the reality.

Indo-European languages also derive from Proto-Turkish (whose closest living representative is modern Turkish). Latin, for example, derives from Proto-Turkic Etruscan. Its grammar stands somewhere between Turkish grammar and Indo-European grammar. (The thousands of Turkish-rooted words in Latin constitute further evidence of this claim.) I have shown the same for Tocharian.

There were no Indo-European peoples born in Inner Asia or Eastern Europe that later disappeared. Rather, there were Turanian peoples who, through continuous hybridization, linguistically differentiated and came to be called “Aryan.” Turkic remnants in Indo-European grammar are more concrete

evidence than DNA. This is how I believe we should approach the statement “Russians are not Turkic.” I set aside the separate question of how extensively the Russian ruling dynasties mixed with Turks over the last thousand years – and how much more the population must have mixed. But I am speaking of a much earlier period.

I view the Ashkenazim in the same way. We cannot answer certain questions merely by invoking variations in genetic codes. Why are there so many blond individuals among Ashkenazi Jews? Or people with Caucasian, European, or Mongoloid features – despite the fact that Jews have been one of the most endogamous societies in the world for thousands of years? To explain what we observe, genetic data must be reconsidered.

Of course, there are other factors that affect physiognomy, climate foremost among them. But there are also striking features that cannot be explained by these factors alone. No one wants to answer the following question: what happened to the main group – around one million Turks – that constituted the ancient Khazars? Since they did not become Muslim, which religion did they continue with – Judaism or Christianity? Whichever they chose, why are the aftereffects of such a large population so easily denied?

Now that I have the opportunity to address you directly, my questions to you are these: What were the dominant haplogroups of the Scythians who spoke Turkish or bore Turkish names? What were the dominant haplogroups of the Turkic-speaking Kipchaks – the Ukrainian Kipchaks and the Caucasian Kipchaks? What were the dominant haplogroups of their descendants, the Western Kazakhs (Cossaks), the Polovtsians? Is the R1a found in Ashkenazim truly different from Russian R1a? If so, how many thousand years ago did this divergence occur? Is the J haplogroup found in Ashkenazim different from the J found among other Middle Eastern peoples and Turks? If so, how many thousand years ago did this divergence occur?

With sincere respect.

Anatole Klyosov

6 days

Dear Kaan,

Since you raise serious questions, I will respond and comment in two parts.

Part 1.

Thank you for your thoughtful post. However, as you certainly know, “thoughtful” does not necessarily mean “consensus,” and this creates a big problem in science. We can ridicule “consensus” when it does not agree with our views; however, this is not a very constructive modus operandi. A more constructive way is to shift the consensus step by step in your direction, which often takes many years, or may not happen within our lifetime. This is the reality. To shift it in your favor (or in the direction of advanced science), one should work methodically, starting with clear definitions of what he or she is trying to advance. Consensus starts with accepting definitions, which is typically hard to achieve; however, it is a must if one wants to convince the “bearers of consensus.” “I just think so” is a failure on that path. When a formation is marching in step, it is hard to expect that they will follow your steps while you walk nearby. Even when you walk gorgeously.

So let us start with definitions. It seems that you call “Turkic” and “Turks” peoples who lived roughly 10,000 years ago (“somewhere between 5,000 and 15,000 years ago”) and who “dominated all of Eurasia.” You call them Turanians, following “earlier scholars.” Let me quote encyclopedias: *“Turanians” is an outdated term for diverse peoples of Central Asia, originating from the Persian word Tūrān (Turkestan) and used in ancient texts like the Avesta for northern steppe dwellers, later broadly applied to Turkic, Mongolian, Uralic (such as Hungarians and Finns), and other groups with “Turanian languages” (now seen as separate language families). The concept, heavily linked to 19th-century Pan-Turanism, mistakenly grouped unrelated peoples and is largely obsolete in modern linguistics, though it persists in cultural movements and older literature”.*

As you see, you already confront the current consensus, and it would not be easy (or maybe nearly impossible) to reverse the consensus in your favor. So, you have a simple choice – either to fight the consensus or to forget about Turanians. To fight it, you need to present a system of new data (your data, which is very important) and elevate the concept of Turanians to a new, higher level. Again, this must be based on your new data, capable of reversing the consensus. References to “earlier scholars” will not help you in that situation.

O.K., you seemingly have another definition: all peoples who spoke agglutinative languages were Turks, or “proto-Turks.” Your argument: present-day Turks speak agglutinative languages. Well, you can say so; however, as with many things in science, it is a matter of negotiation. That is how any consensus is formed in the first place – through negotiation. Hence, if you convince the scientific consensus that all peoples who spoke agglutinative languages in the past were Turks (or proto-Turks), good for you. As you understand, it would not be easy – if possible, at all. The argument that this is so because many present-day agglutinative languages include Turkic words can be countered by saying that Turkic languages include words from various ancient agglutinative languages. Again, it is a matter of negotiation to reach consensus.

I personally have nothing against calling ancient agglutinative languages proto-Turkic, for the sake of having a simple definition. Some linguists indicate that certain Native American tribes speak languages that resemble Turkic. I can provide a simple explanation. There was haplogroup P, which arose around 44,000 ybp, and around 28,000 ybp it derived haplogroups Q and R. Bearers of haplogroup Q left Siberia for North America, and their Siberian DNA appeared in America starting about 15,000 years ago. Bearers of Q (in Siberia and America) and R (in Siberia) apparently spoke the same or similar agglutinative languages, hence “Proto-Turkic.” That is why many present-day Siberian tribes speak Turkic, and why some Native American tribal languages show similarities. We know that those Siberian tribes speak Turkic; hence, those Native Americans speak languages that may belong to the same distant linguistic family. How to call it – Proto-Turkic, Turkic, or simply agglutinative languages – is up to linguists to determine.

You talk about the “commonality – both in meaning and in sound – regardless of whether the haplogroup is C or Q, J or R, G or I,” referring to Turks (or Turanians). Those haplogroups diverged from the same root around 60,000 years ago, and each went its own way. Hence, either their “commonality” has been maintained for 60,000 years – which is hard to imagine, except for basic human traits – or their commonalities (cultural elements, words, deities) are products of later exchanges.

What I call “loanwords” are not words from their ancient proto-languages, but words borrowed between long-existing languages. When Indo-European languages were brought to Europe some 3,000 years ago, apparently by earlier Celts with haplogroup R1a (later largely replaced by R1b), many “proto-Turkic” words and roots may have remained in their IE languages from earlier “proto-Turkic” R1b languages. These were essentially loanwords. Those retained words do not mean that European languages originated from proto-Turkic languages of Old Europe; they were borrowed elements.

Part 2

You said - *“What can anyone say when I demonstrate hundreds of shared concepts and words between Native American languages – 20,000 years old – and Turkish?”* See above. Both present-day Turkish and Native American languages descended from the same agglutinative language of haplogroup Q.

“Or when we show that out of a few thousand deciphered Sumerian words, more than 500 are shared with Turkish?” Sumerian is an agglutinative language like Turkish. These cannot simply be dismissed as loanwords. In this case, it is not necessary that Q haplogroup bearers brought their agglutinative language to the Sumerians. It was more likely haplogroup R1b, such as R1b-Z2103 (associated with Yamnaya, though that may be too early) or R1b-V88, more appropriate for Sumerian times.

"My claim is this: the ancestors of the peoples called Indo-European were Turanian, Turkic peoples." Your claim certainly goes against the consensus. Personally, it is hard for me to accept it. Referring to Max Müller (1823–1900) is not enough, as I have stated above. The consensus for more than a hundred years has not accepted this view. To overcome this, you would need to reverse the consensus with something truly significant – nothing less.

As I understand it, the story goes as follows: both R1a and R1b haplogroups arose about 22,000 years ago in South Siberia. Bearers of both apparently spoke agglutinative "proto-Turkic," since both derived from proto-Turkic R1 < R. However, some 10,000–8,000 ybp, R1a became associated with speakers of an inflected, proto-Indo-European language. Nobody knows how that transition happened. It is difficult to believe that such a transition from an agglutinative to an inflected language family happened by itself. One cannot simply say "it happened" without serious justification.

"The thousands of Turkish-rooted words in Latin..." This does not mean that Latin originated from Turkic. Seemingly, Indo-European languages (from which Latin arose) were brought into "proto-Turkic"-speaking, R1b-based Europe some 3,000 ybp, and many proto-Turkic words remained in the incoming IE languages. Those words are still present in many European languages and are called substrate. In other words, a proto-Turkic R1b language in Europe formed a layer onto which an Indo-European layer was later superimposed. A layered structure does not mean "derived from." These were two independent language families.

"How should we approach the statement 'Russians are not Turkic'?" I set aside the separate question of how extensively Russian ruling dynasties mixed with Turks over the last thousand years". Of course, we should set that aside – ruling dynasties are not "the Russian people." The Romanov dynasty originated in Germany, as did many of their brides over the last centuries. The Romanovs had haplogroup R1b, which is almost absent in Russia, except for about 3% from ancient Yamnaya ancestry and another ~2% from Europe over the last 500 years (craftsmen, factory workers, military servicemen, and officials). As I have said earlier, the Y-chromosomes of Russians have nothing to do with those of Turks. Yes, some words were borrowed from Tatars between the 12th and 15th centuries, but that did not make Russians Turks.

"...and how much more the population (Turks and Russians) must have mixed." The answer is: almost none. See above.

"We cannot answer certain questions merely by invoking variations in genetic codes. Why are there so many blond individuals among Ashkenazi Jews?" As soon as we speak about origin, we must rely on DNA. Of course, some questions are not genetic; however, origin is. Regarding blond individuals – the explanation is straightforward. Ashkenazi Jews include virtually all haplogroups, from A

through T. One should not forget historical events such as violence and forced assimilation. Certain anthropological features were therefore inherited.

“Jews have been one of the most endogamous societies in the world for thousands of years.” Certainly. However, endogamous means marrying within a local community. A community often (or always) includes people from different haplogroups, that is, from different origins. *“And the people of Israel journeyed from Rameses to Succoth... A mixed multitude also went up with them...”* (Exodus 12:37). As you see, the Jews (or those who later became Jews) were already a “mixed multitude” in origin.

“No one wants to answer the following question: what happened to the main group – around one million Turks – that constituted the ancient Khazars?” It is not that no one wants to answer; rather, many cannot. Here is my contribution: European Ashkenazi males include many haplogroups, and practically each of them has a common ancestor dated (from mutation patterns in their Y-chromosomal haplotypes) to about 900–1000 years ago. I do not insist on this interpretation; however, it appears that the common ancestors in each Ashkenazi haplogroup reflect their arrival in Europe at roughly the same time. Technically, they could have come from various places; however, the Khazar Empire is the most likely candidate. If someone proposes another location of origin and provides serious justification, I would be the first to congratulate them.

Now, brief answers to your final questions:

1. *What were the dominant haplogroups of the Scythians who spoke Turkish or bore Turkish names?*

R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-Z2123

2. *What were the dominant haplogroups of the Turkic-speaking Kipchaks – the Ukrainian Kipchaks and the Caucasian Kipchaks?*

I do not know. There is no reliable data.

3. *Is the R1a found in Ashkenazim truly different from Russian R1a?*

Absolutely yes. They belong to different branches of haplogroup R1a. Russians are mainly R1a-Z645-Z280 and R1a-Z645-M458 (Eastern and Western Slavic branches, respectively, with downstream SNPs). Ashkenazim are R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2122-F1345-CTS6 (with downstream SNPs).

4. *How many thousand years ago did this divergence occur?*

Around 4,000 years ago.

5. *Is the J haplogroup found in Ashkenazim different from the J found among other Middle Eastern peoples and Turks? If so, how many thousand years ago did this divergence occur? Around 4,000 ybp or earlier, depending on the population. In the Caucasus it was much earlier; among Arabs, around 4,000 ybp.*

Kaan Arslanoglu

7 days

Dear Anatole Klyosov,

Thank you for your long and kind reply. It was once again instructive. I will certainly take your evaluations and suggestions into account. What you have pointed out regarding genetics is important to me. I have reviewed these points and also researched them independently through other sources. Some interesting results are emerging. Once I complete this work, I will add them to the file and will inform you here as well.

As for language. For me, linguistic data carries evidentiary power equal to genetic data – perhaps even beyond it. I keep publishing on this subject.

Reaching an agreement with the current global consensus in linguistics seems almost impossible for me. Nevertheless, I am doing my best to persuade. I try to articulate and explain my data using their technical language and their conceptual framework. Of course, I accept the difference between agglutinative languages and inflected languages. I am fully aware of the very serious differences between the so-called “Altaic languages” and the “Indo-European languages.” Whether these different language “families” diverged 5,000 or 10,000 years ago does not matter to me – I accept this.

However, the Aryan Theory and the Indo-European linguistic-historical theory built upon it constitute a so-called “scientific” construct invented in bad faith, in order to conceal certain realities. The same bad faith continues, increasingly so. I have explained what this bad faith consists of many times before, and I will not repeat it here. In one sentence: this linguistic and racial theory artificially creates an Aryan language and an Aryan people out of nothing, while deliberately erasing all their historical, concrete, and organic roots for racist purposes. My hypothesis is this: the Indo-European people and language emerged from within Turanian, Turkic peoples. When different languages arose, these were mistakenly assumed – or deliberately presented – as entirely new peoples that had emerged out of nothing. The place of emergence was the regions inhabited by Turkic peoples. Those peoples had always been there and had been dominant.

How did something new suddenly emerge in the same region? It emerged due to communication difficulties among different Turanian groups themselves.

This new language arose as a common lingua franca – simple, easier to speak, easier to learn, and formed spontaneously as a means of mutual understanding. Compared to Turkish, this is a much simpler language – both in terms of speaking and expression. Auxiliary verbs emerged. Word order changed. Instead of adding tense suffixes to verbs, the use of separate verbs for each tense became widespread. Yet the remnants of agglutinative languages have remained clearly visible in that grammar even today. The language became easier, but its expressive capacity narrowed. If you knew Turkish, you would understand the sharp difference. Compared to Turkish, these Indo-European languages resemble a Tarzan language, a bird language (pidgin), or a child’s language. If you translate a one-page Turkish text into English, it becomes a page and a half. What you can express in Turkish with correct grammar in a single word often requires a long sentence in English. These new languages are easy to use, but not practical in expression.

To overcome this difficulty, for example, the English and Americans use abbreviations in everyday speech that ignore grammar altogether. They express something with a single word, but that word alone is grammatically meaningless.

In any case, I am not saying this out of admiration for Turks or the Turkish language. I do not have such nationalism or a special affection for Turkish. I am pointing this out because it is a critically important issue that is ignored in world linguistics. I have written about these matters in detail in some of my articles and books, but I need to work on them much more – both to convince myself further and to convince others.

At present, they say: English, Latin, etc., belong to a completely different family, while Turkish belongs to another. Some words may have been borrowed, but the grammar is entirely different. Is that really so? Certain syntactic patterns in English also exist in Turkish. Latin syntax already resembles Turkish more closely. The verb-final suffixes -d, -ed; the -ing suffix – these also exist in Turkish, in identical form. Auxiliary verbs and personal pronouns: I, am, ich, bin, we, us, be, become, do, did, done, he, she, we, you, thou, seis, illi, est, have, has, would, etc. – are of Turkish (or Proto-Turkic) origin. I have demonstrated this not only with examples from modern Turkish, but also from Old Turkic and Eurasian Turkic dialects. About 85–90% of prefixes (pre, pro, ante, com, etc.) are of Turkish origin; 60–70% of suffixes are of Turkish origin as well. How can a grammar that supposedly emerged out of nothing suddenly contain so many Turkic remnants?

Thank you so much once again.

Kaan Arslanoglu

8 days

Dear Anatole Klyosov,

I would like to add the following information to the file. I would be glad if you would have time to read it. If you think there is anything incorrect in it, I would like to hear your opinion. VERY INTERESTING GENETIC RESULTS. There is no solid, comprehensive study on the genetic structure of the earliest Ashkenazim. Therefore, we are compelled to draw inferences based on findings from present-day Ashkenazim. Among today's Ashkenazim, the R1a haplogroup appears at a rate of roughly 10–20%. This is not a Middle Eastern or Hebrew haplogroup. It is a haplogroup associated with Russia, Turkic peoples, and the Altai region. Based on this, I initially thought that this percentage directly reflected a Turkic–Russian influence. This, however, is not entirely correct. It is stated that the most common R1a subclade among Ashkenazim, R1a-M582, is found exclusively among Ashkenazim. In other words, at least this is not a Russian haplogroup. Anatole Klyosov says the same thing.

This R1a subclade diverged from other Turkic–Scythian–Russian R1a lineages about 4,000–4,500 years ago. But where did this divergence occur? Not in the Middle East, but in Asia, in the Altai steppes. This is firm information. That is to say, Ashkenazim were already carrying this gene in Asia before becoming Jewish. In other words, they were Turkic since that time. And most likely, the Khazar Turks were already carriers of this gene. Later, in the 700s, they adopted Judaism. Since we cannot reasonably claim something as illogical as “only people of a certain genetic makeup are inclined toward a particular religion,” this appears to be the most plausible explanation. No other convincing alternative is visible.

That said, because we do not know the exact genetic structure of the Khazars, we cannot prove this conclusively. Still, the possibility that early Ashkenazim had a much higher proportion of R1a should be kept in mind. Likewise, the most frequent J haplogroup subclade among present-day Ashkenazim also appears to be specific to Jews alone. It is a subclade distinct from Turkic or Middle Eastern J lineages. This branch also diverged from others about 4,000 years ago. From this alone, we cannot prove a Turkic origin for Ashkenazim.

However, here we encounter another striking fact—hold tight, brace yourselves: Ashkenazi R1a-M582 underwent a demographic bottleneck about 1,000 years ago. That is, a relatively small number of Ashkenazim carrying this specific R1a lineage rapidly multiplied in Eastern Europe, producing a population explosion. More precisely, this genetic group took off dramatically. This is how external (Western) sources describe it.

The same is said for the Ashkenazi-specific J subclade: a bottleneck about 1,000 years ago, followed by rapid population growth centered on a limited genetic lineage. Why 1,000 years? This date coincides exactly with the collapse and

dispersal of the Khazar Turkic Jewish state. A formerly dominant population fragment disperses and becomes a minority in the regions it migrates to. Whereas endogamy had not previously been widespread, a strict endogamous, closed community structure emerges.

There you have yet another piece of evidence for Khazar influence. On this matter, Anatole Klyosov states the following: “Here is my contribution: European Ashkenazi males include many haplogroups, and practically each of them has a common ancestor dated (from mutation patterns in their Y-chromosomal haplotypes) to about 900–1000 years ago. I do not insist on this interpretation; however, it appears that the common ancestors in each Ashkenazi haplogroup reflect their arrival in Europe at roughly the same time. Technically, they could have come from various places; however, the Khazar Empire is the most likely candidate. If someone proposes another location of origin and provides serious justification, I would be the first to congratulate them.” That’s exactly it...

THE QUESTION OF THE TURKICITY OF RUSSIANS, Anatole Klyosov does not accept this. He states that there was Germanic and Turkic ancestry within the Russian tsarist dynasty, but that mixing between the two peoples at the population level was negligible. However, he does state that Russians belong to the same haplogroup as Turkic Scythians. More precisely, this is the answer he gives when I ask, “Which haplogroup did the Turkic Scythians belong to?” According to him, the common haplogroup of Scythians, Russians, Turks, and Ashkenazim 4,000–4,500 years ago was R1a-Z645. This is what he says.

There are other contemporary authors who accept that this gene belonging to the Scythians is Turkic. Even Chat-GPT, which never deviates from mainstream fallacies, states that this gene is related to Turkic peoples in the Eurasian steppes. As for conceptual agreement between Klyosov and myself on what “Turk,” “Turkic,” and “Proto-Turkic” mean, we have not yet fully converged. He accepts “Proto-Turkic,” but when he says “Turk,” he still refers to Turks of the last 2,500–3,000 years. I do not actually object to this. In other words, the fundamental shared root among all three groups goes back about 4,000 years — which is exactly what I am saying as well. The haplogroups that spread Turkic languages across the world were Q (eastward), R1b (westward), and R1a. On the first two, Klyosov and I agree. But we still struggle a bit when it comes to sharing R1a and the Russians.

Anatole Klyosov

9 days

Dear Kaan,

Some things in your text you got right, some you did not, and some are dubious and require clarification. Here are my rather concise replies to avoid confusion.

1. Please forget about “genes” and “genetic structures” – haplogroups are not genes. Haplogroups are formed by one (rarely two) SNP (“snip”) mutations in the DNA nucleotide chain. Genes are relatively large formations of hundreds or thousands of nucleotides, and they code for protein synthesis. This has nothing to do with haplogroups, SNPs, or haplotypes.

2. “There is no solid, comprehensive study on the genetic structure of the earliest Ashkenazim.” It is not clear what “genetic structure” you are referring to. The genetics of all people (*Homo sapiens*) are more than 99% similar. Everyone has a heart, lungs, kidneys, a liver, and thousands of other organs and tissues. Again, please do not use “genetics” unless you are truly referring to genetics and its methodologies. DNA genealogy uses a totally different methodology.

3. If you mean haplogroups and SNPs of early Ashkenazim, this is described in detail in my book “Peoples of Russia. DNA Genealogy” (in Russian, 2021). There is a 30-page chapter titled “Jewish People,” where 38 lineages of R1a Jews – mainly (or exclusively) Ashkenazim – are described, starting from the earliest Ashkenazim from the Middle East, Turkey, Armenia, Persia, Balkaria (North Caucasus), Kurdistan, Spain, etc. I am not saying this to encourage you to buy the book, but to show that saying “there is no study” is incorrect.

4. R1a Ashkenazim have nothing to do with Altai in Siberia.

5. R1a Ashkenazim have nothing to do, SNP-wise, with Russians or other Slavic nations.

6. R1a Ashkenazim have the following chain of SNPs: R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z93 > Z94 > Z2124 > Z2122 > F1345 > CTS6 > Y2619 > Y2630, and then it splits into dozens of sub-branches. Russians have: R1a-M420 > M459 > M198 > M417 > Z645 > Z280 (+M458), etc. They split from Ashkenazim at Z645, about 4,900 ybp. A typical Turkic lineage is the same as that in Ashkenazim up to Z2124 and sometimes Z2122, after which they went their separate ways. The split happened about 4,200–4,300 ybp.

7. Scythians – many of whom spoke Turkic languages (though some spoke Iranian) – split from the Jewish/Ashkenazi lineage also at Z2124 and Z2122. Hence, R1a Ashkenazim began their lineage F1345 > CTS6, etc., about 4,200–4,300 ybp. Then a catastrophe of unknown nature occurred, and R1a Ashkenazim nearly vanished, recovering only about 1,300 ybp. That is the date of the common ancestor of present-day R1a Ashkenazim.

8. “I initially thought that this percentage directly reflected a Turkic–Russian influence.” There was (and still is) cultural influence, but not DNA–

genealogical influence. I have just submitted for publication a book on Turkic influence in Ukraine, written with a Turkologist/linguist. We describe significant cultural influence and many borrowed Turkic words in Ukrainian language, but close to zero DNA influence.

9. R1a-M582 that you mention was reclassified long ago as Y2619 (see above). It is by no means a “Russian subclade.” It is typically Ashkenazi.

10. “Ashkenazim were already carrying this gene in Asia before becoming Jewish.” You are referring to Y2619. It is not a gene, as explained above. Apart from that, you are right – they were not Jewish then, and not Ashkenazim. They were ancient ancestors of Ashkenazim. I do not know whether they were Turks (or Proto-Turks) at that time, but nobody really knows.

11. “The most frequent J haplogroup subclade among present-day Ashkenazim also appears to be specific to Jews alone.” You are correct. This applies to both J1a and J2.

12. “Ashkenazi R1a-M582 underwent a demographic bottleneck about 1,000 years ago.” You are right, except it is Y2619, not M582, and they emerged from the bottleneck about 1,300 ybp. By 1,000 ybp they were already well established.

13. “He (Anatole Klyosov) states that Russians belong to the same haplogroup as Turkic Scythians.” Not at all. R1a Russians carry R1a-Z280 and R1a-M458 (Eastern and Western Slavs, respectively), while Scythians had R1a-Z93. These are completely different lineages.

14. “According to him, the common haplogroup of Scythians, Russians, Turks, and Ashkenazim 4,000–4,500 years ago was R1a-Z645.” Not exactly. First, Z645 arose 41 SNP mutations ago, about 5,900 years ago (SNP mutations form on average every 144 years). Second, having ancient Z645 does not make someone Turkic. For at least the last 5,000 years, the ancestors of Russians did not speak Turkic or agglutinative languages. Linguistics shows that the basic lexicon of modern Russian has about 54% strong similarity with an ancient Indian language, a predecessor of Sanskrit, which is Indo-European.

15. “There are other contemporary authors who accept that this gene (R1a-Z645) belonging to the Scythians is Turkic.” First, it is not a gene. Second, R1a-Z645 arose about 5,900 ybp, long before Scythians and Turks. Yes, later they had Z645, as did many other peoples of various linguistic groups. R1a-Z645 is not Turkic. I personally carry it, and I am not Turk.

Kaan Arslanoglu

10 days

Dear Anatole Klyosov,

Thank you once again for your long and detailed reply. I understand the sensitivity you repeatedly emphasize regarding the definition of a “gene,” and I acknowledge that this sensitivity stems from a legitimate concern about possible misunderstandings. Personally, I have been well aware of what a gene is since completing my medical education in 1984, and medical genetics has long been a particular area of interest for me.

Here, however, I am using the term “genetic” in a broad sense, not to refer to classical gene functions, but to encompass Y-DNA haplogroups and DNA genealogy data. The audience I address consists largely of people with no formal education in genetics; this includes the majority of academics participating in these discussions. I therefore try to simplify my language as much as possible and to express things briefly and clearly. That said, if using the term “genetic” in the context we are discussing is truly this problematic, I will make an effort to avoid it. By the way, “genealogy” also contains “gene”. I don't know what to do with that. I had assumed that I was entitled to make a certain level of abstraction. Apparently, however, one must be extremely precise and strictly literal.

Another “very distinguished” participant here once responded to a statement of mine such as “people with this genetic background spoke that language” by saying, “genes do not speak.” I thanked him for informing me that genes are not human beings. For some, beating an author over terminological “errors” seems to be a primary method. I am not referring to you.

Yes, we are discussing issues on which there is no consensus. Moreover, these are issues involving realities that have been politically and ideologically driven, and deliberately obscured for more than a century. That is precisely why I try to simplify the matter as much as possible – both for my own understanding and for that of the readers. You, on the other hand, help clarify things up to a certain point; but just as we seem to be approaching a conclusion, the picture becomes even more complex again. Or, to put it differently: as a referee, you first run to the center circle and award the goal – only to then annul it by invoking a subtle technical rule violation.

I asked the following questions here three or four days ago, and I received the following answers:

“1. What were the dominant haplogroups of the Scythians who spoke Turkish or bore Turkish names? R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-Z2123

3. Is the R1a found in Ashkenazim truly different from Russian R1a? Absolutely yes. It belongs to a different branch of haplogroup R1a. Russians are mainly R1a-Z645-Z280 and R1a-Z645-M458 (Eastern and Western Slavic branches,

respectively, with downstream SNPs). Ashkenazim are R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2122-F1345-CTS6 (with downstream SNPs).

4. How many thousand years ago did this divergence occur? Around 4,000 years ago.”

Please excuse my ignorance: what exactly am I seeing here? R1a-Z645... This is a common ancestor shared by Scythians, Russians, Ashkenazim, and Turks. Is that not so? In fact, the common ancestry of Ashkenazim and Turks extends as far as Z2124. That is all I am saying – nothing more.

Furthermore, Ashkenazi R1a-M582, or Y2619... in any case, it is a group of Eurasian origin. Is that not correct? Distinct from the Middle Eastern Hebrew group. Is that not correct? Our main subject is the question of Turkic and Russian relatedness among the Ashkenazim. Do all three derive from a common ancestor, or do they not? You accept a common ancestor. I think so as well. Yet you attribute such overwhelming importance to the roughly 4,000-year divergence that it almost amounts to rejecting the common ancestor altogether.

I have never said that Turks are Russians or that Russians are Turks. I have never claimed that they are the same, nor that the two languages are identical. I said that they had common ancestors 4,000–5,000 years ago. (Subsequent political, cultural, and demographic mixtures are a separate issue.) I did not say that Ashkenazim are Turks. I said that their ancestors were shared. In fact, this close commonality seems to have persisted until as recently as about a thousand years ago.

You also place great weight on what I see as the fallacies of Western linguistics of the last century—on the conclusions of mediocre and racially biased grammarians. This, in my view, undermines the success of what you rightly value so highly: DNA GENEALOGY.

Most likely, the earliest “Indo-European” language was developed by Turkic R1a groups. Otherwise, the Turkic influence observable in other languages cannot be explained solely through R1b. I demonstrate this through Turkic remnants in Indo-European grammar. The ancient Indian languages you refer to also carry a strong Turkic flavor. Robert Caldwell (1814–1891), the founder of Dravidology, suggested that the Dravidian, Altaic, and Sami languages derived from a common language, which he called the “Saka” family. Saka = Scythian. I compared Sanskrit and Turkish on the basis of 1,000 core vocabulary items and found nearly 24% overlap. However, in that early study I did not include many commonalities I discovered later. The real proportion is likely closer to 30%.

You say that “the ancestors of Russians did not speak Turkic or agglutinative languages for the last five thousand years.” I wondered how you know this, but that is not the main point. They may not have spoken an agglutinative language – but how do you know they did not speak a Turkic one?

Let me restate my claim: “Indo-European was spoken first by Turkic communities.” I demonstrate this on the basis of grammar. Here is a new, brief attempt at proof: You- Russian TI ... Turkish SEN ... T, TS < S He, she, it - ON, ONA, ONO ... Turkish O, ONU, ONA (he, him, his) We- MI ... Türkish BİZ, MİZ They - ANI ... Turkish ON-LAR When - KAGDA ... Old Turkish KANDA Who - KTO, KOMI, KEM ... Turkish KİM, KİME, KİMİ Which - KAKOY ... Turkish HANKI, KANKI How - KAK ... Turkish KAÇ (how many), KANKI Can - MOÇ ... Turkish BAŞ, BAŞGAR No, not: NYE ... Turkish NE Has: YEST ... Turkish IS Be, been: BIL ... Turkish BOL He is at home: ON DOMae ... Turkish O (ol, onun) DAMDA ...

With my sincere respect

Anatole Klyosov

10 days

Dear Kaan,

I will not go further into the discussion that a haplogroup is not a “gene,” and that genetics has a methodology quite different from that of DNA genealogy. I will only address your comment that “genealogy” also contains “gene.” “Genealogy” has nothing to do with “gene,” and not only because genealogy is thousands of years older than the concept of a gene. The word “genealogy,” from Ancient Greek genealogia, is a combination of genea and logos, and means “the making of a pedigree.”

“R1a-Z645... This is a common ancestor shared by Scythians, Russians, Ashkenazim, and Turks. Is that not so?” Of course. However, this does not make Z645 Turkic. By the same logic, one could claim that it makes Z645 Russian. Both conclusions are incorrect. Z645 has a predecessor, M417. Is it also Turkic? Before that comes R1a-M420. Is that Turkic as well? Apparently, you think so, since you wrote, “Most likely, the earliest ‘Indo-European’ language was developed by Turkic R1a groups.” That is your opinion.

As I have noted here more than once, the presence of common words in two languages does not mean that one language developed from the other. Many languages contain the word “computer,” but that does not mean they developed from English. English contains many Greek words, yet this does not

mean English developed from Greek. The exchange of words is an integral part of human history.

In science, when one observes common words in two (or more) languages, one cannot conclude which language derived from which. Instead, a scientist must conduct careful and detailed research into how and when those words became shared. The simplest and most likely explanation is that the languages coexisted for some time. To conclude that one language was derived from another requires much deeper research.

Let us return to your assumption that R1a-Z645, R1a-M417, and R1a-M420 were Turkic. However, the chain of haplogroups does not stop there. What about R1, upstream of R1a? Turkic? Then R? Then P? Finally, haplogroup BT, the ancestor of all non-African haplogroups. Also Turkic? I do not exclude the possibility—and am even inclined to think—those bearers of all those haplogroups, from BT down to R1b, may have spoken agglutinative languages. But should we call all of them Turkic? I doubt that linguists would reach a consensus even on calling such early languages Proto-Turkic. Consensus requires clear criteria for when agglutinative languages should be called “Turkic,” and when they should not. The same requirement applies when projecting linguistic labels back along the chain of haplogroups from R up to BT.

“Our main subject is the question of Turkic and Russian relatedness among the Ashkenazim. Do all three derive from a common ancestor, or do they not? You accept a common ancestor. I think so as well.” You are referring specifically to R1a-Turks, R1a-Russians, and R1a-Ashkenazim. However, there are many Turks, Russians, and Ashkenazim who belong to other haplogroups, and therefore have different common ancestors. Yes, within haplogroup R1a they all derive from R1a, but from different lineages. Different lineages contribute to different ethnicities, which are combinations of multiple haplogroups with various ancestral lines. Therefore, one must clearly define what is being discussed.

“I did not say that Ashkenazim are Turks. I said that their ancestors were shared.” Again, you omit “R1a” or any other haplogroup, which may be considered here. Shared ancestors alone do not define ethnicity, language, or anything else unless carefully specified. All people on Earth share common ancestors. So what? Moreover, all humans share more than 99% of their DNA. This fact is not informative unless the subject of discussion is clearly defined.

It seems, dear Kaan, that your studies sometimes lack precise definitions of the concepts you are considering.

“The ancient Indian languages you refer to also carry a strong Turkic flavor.” Perhaps. I am not a linguist and cannot evaluate the exact meaning of that statement. It is possible that, some 20,000 years ago, early bearers of R1a spoke agglutinative

languages—call them Turkic, Proto-Turkic, or something else—and later split and developed inflected languages, or adopted them from now-unknown populations. Their later inflected languages could have retained a “Turkic flavor” for millennia. After their descendants lived on the Russian Plain (Fatyanovo archaeological culture, 4900–4000 ybp, R1a-Z645-Z93) and then migrated to India (around 3500 ybp), they continued to speak inflected languages that later became known as Indo-European languages.

I have nothing against this hypothesis (“Turkic flavor”) personally, but I leave it to linguists to incorporate it into any consensus. You are doing useful work in drawing linguists’ attention to this idea.

“You say that ‘the ancestors of Russians did not speak Turkic or agglutinative languages for the last five thousand years.’ I wondered how you know this...” I explained this in previous texts. The basic lexicon (the most stable part of a language over millennia) in contemporary Russian and in ancient Indian language—which, after standardization by the great Indian linguist Panini, became Sanskrit—overlaps by 54%. At the same time, the proportion of R1a in upper castes in India reaches 72%, while it is 60–70% in Russia and about 52% among Russians on average. People who later became Indians—carriers of R1a-Z645-Z93—left the Russian Plain eastward around 4,500 years ago. Carriers of R1a-Z645-Z280 (which arose about 5,000 ybp) remained on the Russian Plain and later became R1a-Russians, R1a-Ukrainians, R1a-Belarusians, R1a-Poles, and others. They all share 50–53% of their basic lexicon with that of ancient Indians.

“How do you know they did not speak a Turkic language?” See above. I do not know the degree of overlap between the basic lexicon of Russian and Turkic languages, but I suspect it would be close to zero. They belong to different language families.

“Indo-European was first spoken by Turkic communities. I demonstrate this on the basis of grammar.” In my view, this cannot be demonstrated on the basis of grammar alone. Using the same data, one could argue the reverse. Similarity does not prove origin.

Kaan Arslanoglu

11 days

Dear Anatole Klyosov,

Thank you very much for your comments and your valuable contribution. You took the trouble, invested time and effort, and provided detailed responses—I

truly appreciate it. For now, I have no further questions or comments. With my sincere respects.

Anatole Klyosov

11 days

Dear Kaan,

Dear Kaan,

Apart from our discussions here, I truly believe that your core concept is a sound one: that Central and Western Europe once spoke an agglutinative language which, without violating scientific principles, could be described as Proto-Turkic. I can only add that around 3000 ybp – at the end of the 2nd millennium BC and the beginning of the 1st millennium BC – Central and Western Europe began to rapidly shift to Indo-European languages, brought there by R1a bearers. I emphasize Central and Western Europe because Eastern Europe spoke Indo-European languages at least from 5000 ybp, that is, from the end of the 4th millennium BC and continued so until present time. It may have been much earlier; however, I do not see continuity between proto-Indo-European languages some 8000 ybp and the Indo-European languages of the Fatyanovo archaeological culture, from which I see clear continuity to present-day Slavic countries, to India, Iran, and the Mitanni Aryans. In any case, your very significant contribution regarding the role of (Proto)Turkic languages in Central and Western Europe between at least 5000 and 3000 ybp has been noted, and I hope it will be recognized by linguists in due course.

Kaan Arslanoglu

12 days

Thank you very much dear Anatole, kind regards.

Мы слышали не раз, что геном человека намного больше Y-хромосомы, поэтому более информативен при изучении истории древнего мира. Так ли это?

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Эта байка постоянно педалируется некоторыми генетиками, и потому широко распространена среди специалистов гуманитарного профиля и любителей с отнесением «специалисты по генетике знают, что говорят». Само по себе это, конечно, глупость, размер объекта исследования вовсе не определяет информативность и надежность получаемых при его изучении данных, особенно когда изучается не сам объект целиком, а его отображение в виде неких измеряемых параметров. Тогда информативность и надежность данных определяется методологией исследования. А методология исследования генома, с одной стороны, и гаплотипов, снипов, гаплогрупп, с другой, являются совершенно разными. При этом ставятся, как правило, разные задачи исследования, измеряются разные параметры, причем измеряются с разной экспериментальной точностью, и что существенно – делаются разные выводы в силу использования разных методологий.

При изучении генома по сути ищется «похожесть» облаков точек (снипов) разных сравниваемых геномов, и далее эта «похожесть» сортируется, фильтруется и систематизируется, насколько возможно, как правило, компьютерным моделированием, приводя в итоге к серии диаграмм, порой десяткам и сотням диаграмм, построенных с помощью многочисленных приближений, допущений и сравнений с «референсными» диаграммами. Дальше идут интерпретации полученных диаграмм. Что исследователи при этом получают, показывают разборы такого подхода во многих статьях в Вестнике. Ответы, как правило, а фактически всегда получают «вероятностные», нечеткие, с массой «степеней свободы», и потому обыкновенно подгоняются под уже известные исторические концепции. Это называется «генетика подтвердила выводы исторических наук», или «выводы исторических наук подтвердили выводы генетиков», кому как больше нравится. Назвать это «информативностью», конечно, нельзя. По сути идет отработка методологий работы с геномами (в основном) древнего мира, которая статуса науки еще не достигла.

Напротив, в ДНК-генеалогии получают серии совершенно определенных чисел, называемых гаплотипами, состоящими при наивысшем практическом разрешении из 111 чисел (111-маркерные гаплотипы), хотя уже получают и 400-500-маркерные гаплотипы, но общепринятого научного применения они еще не получили. Эти гаплотипы группируют по разным гаплогруппам, которых известно несколько десятков, и по их субкладам, которых многие сотни и тысячи, последние классифицируют по снипам (SNP, или Single Nucleotide Polymorphism), и все это образует четкую систему, полностью воспроизводимую от лаборатории к лаборатории, где определяют гаплотипы, снипы, гаплогруппы. Поэтому при определении этих трех основных параметров у ДНК древних (по их костным остаткам) или современных людей результаты сопоставления получаются практически однозначными. Число «степеней свободы» при интерпретации данных кардинально уменьшается, если, конечно, исследователями не сделаны банальные ошибки при определении этих параметров, при отнесении археологических культур, но такие ошибки не есть часть методологии, они в той же степени присущи и геномным исследованиям.

Эти параметры в ДНК-генеалогии не имеют никакого отношения к размеру генома, это по сути дела метки в геноме. Они передвигаются вместе с геномом, но их точнее и проще определять. Размер метки в любом научном направлении, в котором метки используются, например, изотопные метки в химии, обычно предпочтительно чем меньше, тем лучше. Когда орнитологи прикрепляют колечко на лапку птицы для изучения миграций, то вопрос «чем колечко больше, тем лучше», разумеется, не стоит. Оно должно быть намного меньше размера птицы, вот и весь принцип.

Вся бессмысленность постановки «проблемы», что геном большой, а Y-хромосома меньше, потому метка на ней менее информативна, была продемонстрирована на публичной дискуссии между автором этой книги и профессором-генетиком П. Сломинским². Это и был основной (и практически единственный) «аргумент» генетика, причем ни одного примера для иллюстрации своего «положения» он не привел. Да таких примеров при современном состоянии «широкогеномного изучения древнего или современного мира» и быть, видимо, не может.

346346346346346

² «Битва профессоров»

https://zen.ru/video/watch/622c7fceb8370032ff25376e?sid=167771336431886864&utm_referrer=www.anatole-klyosov.com (исходное видео с более чем 150 тысяч просмотров было снято Ю-Тубом, это – сохраненное видео при потерянных исходных комментариях).

В относительно недавнем (август 2023 года) выступлении³ биолог Федор Лисицын привел пример, что у грузина и зулуса оказались одинаковые геномы, и получается, что то ли грузин по происхождению южноафриканец, то ли наоборот. При всей анекдотичности этого примера суть проблемы с геномами он передает правильно, поскольку у всех людей на планете ДНК одинакова на 99%+, и понятно, почему – у нас у всех есть сердце, легкие, печень, почки, селезенка, кровеносная система и так далее, как и гены, за них ответственные. Поэтому если генетики не ищут специфические особенности в геноме, то есть «мишени», и именно на них нацелены, то сравнение геномов «в целом» мало что даст. Отсюда и «фильтрование» заведомо сходных участков генома по специально разработанным программам, чтобы получить специфический «сухой остаток», по которому и работать дальше, и сравнивать с «сухими остатками» «референсных геномов». Но такая методология еще не доработана, отсюда и проблемы. Так что «размер» генома усложняет задачу, а не упрощает ее.

Во многих статьях в Вестнике мы приводили примеры, когда «широкогеномный анализ» оказывался практически бессильным там, где ДНК-генеалогия без труда получала вполне четкий ответ. Мы описывали, как научные статьи по «широкогеномному анализу» выработали свой вязкий, неопределенный стиль подачи «материала», как вместо четких выводов работы, что положено помещать в Абстракт статей, авторы помещают в Абстракт историческое введение, чтобы избежать признания, что выводов-то нет, вместо них есть уклончивые рассуждения, мы описывали, как «широкогеномный анализ» приводил к неправильным основным выводам статей, как авторы повторяли за историками их концепции, к которым якобы тоже пришел «широкогеномный анализ». Но внимательное рассмотрение статей показывает, что это не так, авторы просто выбирали из многих вариантов своих возможных «выводов» тот, который согласуется с концепциями исторических наук и смежных дисциплин.

Для начала, мы показали это **на примере статьи в Nature (Haak и др., включая культовую фигуру в «широкогеномной генетике», Д. Райха из Гарварда, 2015)** в составе 39 соавторов, которая описала якобы продвижение носителей ямной культуры (5300-4600 лет назад) в центральную и западную Европу, причем они же якобы представляли «массовую миграцию» и принесли в Европу якобы индоевропейский язык, причем вынесли и то и другое в название статьи. На самом деле и то и другое было откровенной подгонкой под старую (70 лет назад) «курганную теорию» М. Гимбутас, данных про языки в самой статье вообще не было, и авторы положились на дефектный «широкогеномный

347347347347347347
³ [Фёдор Лисицын | Загадки норманизма: Русофобия, отношение в СССР и роль генетики - YouTube](#)

анализ», и не обратили внимания на то, что в ямной культуре преобладает гаплогруппа R1b-Z2103, которой почти нет в Европе, и индоевропейский язык которой совершенно не доказан. ДНК-генеалогия нашла правильный ответ буквально в одно касание, как показано в разделе «Миф 1».

Второй пример иллюстрирует попытку того же Д. Райха найти ариев (древних или современных) в Индии. Оборот «того же» не удивляет, Райх – главный автор множества статей по применению «широкогеномной генетики» к изучению истории древнего мира, и буквально все страдают отсутствием научной школы в планировании «геномных» экспериментов и интерпретации получаемых данных. Ариев Райх и его соавторы в Индии не нашли, как и почему – описано в Вестнике. ДНК-генеалогия нашла их буквально в одно касание, как описано там же. Геномный анализ оказался бессильным это сделать, несмотря на то, что «геном большой».

Третий пример показывает плачевные результаты применения «широкогеномного анализа» к изучению геномов конкретных людей. С легкой руки «геномных компаний», лабораторий и журналистов это получило бессмысленное название «этнического ДНК-анализа» или еще более бессмысленное «геномное определение национальности». Методы те же, что рассматриваются выше, но если в научных статьях бессмыслица маскируется «научными» терминами, то заказчика «геномного теста» уже провести трудно, остается только надеяться, что заказчик не повторит тест в другой компании или лаборатории, и не обнаружит подделку. Большинство не повторяют, и это сходит с рук. Напротив, большинство с готовностью придумывают легенды о своем происхождении, беря за основу результаты мошенничества, в котором страны и регионы якобы происхождения расписаны по процентам, часто с долями процентов, намекая на высокую точность «этнического анализа». Но некоторые заказчики тест повторяют, к своему итоговому изумлению. ДНК-генеалогия такими «тестами на этничность» или «национальность» не занимаются, понимая, что это откровенное мошенничество. Наверное, если предки тысячелетиями жили на изолированной территории, например, высоко в горах, то тест может это обнаружить, но такие результаты практически непредсказуемы. Разве что заказчик – баск или житель глухой дагестанской деревни, но тогда результат, что он баск или дагестанец вряд ли стоит денег, которые заказчик заплатил за такой тест, поскольку заказчик и так это знает..

Четвертый пример повествует о том, что авторы изучали 89 геномов из 29 археологических участков Тибета во временном интервале от 5100 до 10 лет назад, и якобы нашли «специфическую предковость» для Тибетского плато. Это, конечно, не так, авторы нашли 15 Y-хромосомных

гаплогрупп по всему спектру иерархии гаплогрупп и 30 вариантов мтДНК, некоторые дублируются. Вот они:

A1, A6, A6b, A11a, A17, A21, B4d, C4a, D4, D4g, D4h, D4i, D4j, D4q, D5a, F1b, F1c, F1d, F1g, G2a, G2b, H2a, K1b, M9a, M11, M13a, M70, U2a, U2b, U5a.

Где здесь «специфическая предковость», как и с Y-хромосомными гаплогруппами?

Анализ приведенных в статье гаплотипов (которые там не обсуждались, как обычно для «широкогеномных исследований» приведен в Вестнике, не будем повторять. Единственное, что можно здесь сказать о всех четырех гаплогруппах, наиболее представленных в выборке из Тибета, это то, что это типичные дальневосточные и юго-восточные азиатские гаплогруппы. Остальное – в Тибете мы видим недавние «кончики» самых разных гаплогрупп по всему спектру гаплогрупп, от СТ до N и O, так что опять говорить об «уникальной предковости» - это не понимать суть вопроса.

В целом мы опять видим, что подавляющее большинство тибетских гаплогрупп прибыли с востока и юго-востока азиатского материка. К этому же выводу пришли и авторы обсуждаемой статьи при изучении геномов, хотя, как видно, этот вывод ясен и без геномов, просто при взгляде на гаплогруппы. Для этого не нужны 37 авторов статьи и изучение 89 геномов, да и финансовые затраты были бы на порядки меньше.

Пятый пример касается средневековых евреев-ашкенази из Эрфурта в будущей Германии. Главный автор статьи – тот же Д. Райх. Тогда понятно, что гаплотипы авторы статьи не рассматривали, сравнивали геномы ашкенази с «референсными геномами». Понятно, что любой «референсный геном» на самом деле является суперпозицией геномов его предков, близких и дальних, но это мало кого из «широкогеномных» беспокоит. На этом и строятся выводы. Абстракт завершается тем, что данные статьи «предлагают», что «события основателя ашкенази» (AJ founder event), что, видимо, эвфемизм понятия «общие предки» уходят ранее 14-го века.

Как видим, никаких результатов и выводов статьи в отношении древней истории, не говоря о ДНК-генеалогии в статье нет, во всяком случае таких, которые были бы неочевидны и неизвестны. Анализ гаплотипов и гаплогрупп ашкенази в рамках ДНК-генеалогии совершенно ясно показал, что он несравненно более детален и информативен, чем «широкогеномный анализ» авторов статьи.

Общая картина, конечно, уже ясна, но вопрос слишком важен, чтобы на этом остановиться. Поэтому коротко рассмотрим еще десяток других

примеров для большей полноты рассмотрения. Это к вопросу о том, что «геном большой, а Y-хромосома маленькая».

Пример 6. Этруски.

В конце 2021 года в международном научном журнале появилась долгожданная статья об ископаемых ДНК этрусков⁴, в авторах – 38 человек, половина из которых итальянцы, остальные – из десятка других стран мира (соавторов из России не было). Гаплотипов в статье не было, снипы были только поверхностные, но наличие гаплогрупп позволяло получить общую картину, что на данном этапе вполне достаточно. Однако авторы гаплогруппами практически не занимались, они изучали общую геномную картину, основываясь на геномах 82 древних этрусков (или тех, кого за этрусков принимали), из них 48 мужчин, для которых определили гаплогруппы Y-хромосомы.

Как обычно, главный вопрос был о происхождении этрусков. В стиле популяционных генетиков авторы начали с того, что перечислили все основные гипотезы о происхождении этрусков, тем самым загнав себя в рамки известных концепций. Так в науке делать нельзя, надо основываться на своих данных, не поддаваясь навеиванию результатов и гипотез смежных дисциплин. А известные концепции гласят, что есть несколько противоречивых гипотез, ни одна из них не доказана. То, что этруски жили на Апенинах с древности, археологи отрицают. Другие теории предполагают, что предки этрусков пришли или из Малой Азии, или из Скифии (северокаспийских степей), или с севера, из-за Альп. Вот из этого авторы статьи и исходили, что, опять, делать категорически нельзя.

И дальше у авторов «широкогеномной» статьи пошли обычные неопределенности, поскольку ответ о происхождении был заранее неизвестен, а «общая геномная картина» имеет крайне малую разрешающую способность. Так, она оказалась почти одинаковой у всех этрусков в работе (Рис. 1), а ее «калибровка» страдала обычными искажениями «широкогеномными» популяционными генетиками. Так, она обычно не способна увидеть разницу между многими гаплогруппами, что влечет принципиальные недоразумения в интерпретациях результатов геномного анализа. Например, по геномным данным как R1a, так и R1b обычно зачисляются в «степную предковость», потому что неотличимы от гаплогруппы-субклада R1b-Z2103, найденного во многих образцах ДНК в ямной культуре.

350350350350350

⁴ Posth, C. The origin and legacy of the Etruscans through a 2000-year archeogenomic time transect. *Sci. Adv.* 7, 2021, eabi7673. doi: 10.1126/sciadv.abi7673.

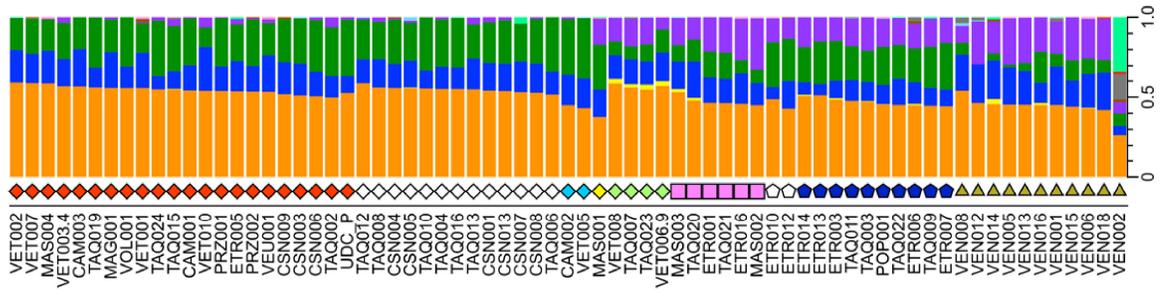


Рис. 1. Диаграмма «примесности» (при K = 11) древних этрусков. Пояснения в тексте.

Диаграмма на рис. 1 – образец работы «геномных популяристов» для 71 образца ДНК этрусков, как мужчин, так и женщин. В соответствии с правилами политкорректности мужчин и женщин не разделяют, геномные данные их смешивают и усредняют. Что цвета означают – неизвестно, но есть «подсказки». Например, зеленый цвет – это усредненные образцы ДНК ямной культуры, опять же мужчин и женщин. Там, в ямной, есть еще немного голубого цвета, это – неолитический Ирак, но кого это может беспокоить, не так ли? То, что в ямной культуре могли оказаться выходцы из Ирака того времени, это, конечно, абсурд, миграции шли в другую сторону, но кого это опять же беспокоит? Да и вообще, какая разница? Если примесь голубого цвета у ямников, примите как данность. И то, что он есть у этрусков, тоже примите как данность, что это – неолитический Ирак. Синий цвет – это западноевропейские охотники-собиратели. Что, они-то там при чем? Экие вы беспокойные, сказано же, примите как данность. Желто-оранжевый цвет – неолит Анатолии (Малой Азии). Поскольку он почти доминирует, может, прав Геродот, предки этрусков из Малой Азии пришли? Да кто их там знает, древних, надо разобраться, что другие историки говорят, тогда и решим, к какой версии склониться.

В общем, «методология» понятна.

Это надо знать, чтобы понимать интерпретации и выводы статьей, как в упоминаемой здесь статье об этрусках. «Геномный анализ» приводит авторов к выводу о «большой доле степного компонента» в этрусках, а на самом деле в Приложении к статье указано, что среди всех ископаемых ДНК есть всего один образец R1b-Z2103, да и то из захоронения с археологической датировкой 1740 лет назад, то есть уже в нашей эре. К ямной культуре он, конечно, не имеет прямого отношения.

Наш комментарий - то, что авторы приняли за «степной компонент», суть европейские гаплогруппы R1b-P312, R1b-L2, R1b-L51, R1b-L151, R1b-P310 и подобные, которые продвинулись в континентальную Европу, включая Апеннины с живущими (или формирующимися) там этрусками, и вошли в их Y-хромосомы. Степи там совершенно не при чем. Но в

авторах статьи про этрусков W. Haak, автор той самой статьи про «степную предковость» 2015 года, которую мы не раз цитировали, поэтому она же, «степная предковость», неизбежно появляется у этрусков в новой статье.

Авторы статьи показывают, что этруски имеют весьма схожие друг с другом геномные показатели, демонстрируя диаграмму на Рис. 1, хотя сами же в Приложении к статье приводят список гаплогрупп этрусков, в состав которых входят R1b (разных ветвей), G2a (разных ветвей), J2a, J2b, J1a, I1, E1b, то есть об однородности геномных показателей этрусков говорить не приходится. Да и показывают авторы это при вводимом произвольном и формальном условии, что геномный анализ производится при числе генетических компонентов, или при формализованном представлении о числе общих предков этрусков (которое у геномных генетиков называется числом K), которое авторы выбрали, равном 11. А как выбирали, почему пришли именно к 11 «общим предкам»? Да просто перебрали получаемые компьютерные картинки при K от 1 до 16, и при K=11 картинка приглянулась больше, чем при других K.

В общем, достаточно о формализованном подходе авторов статьи. Об этом приходится говорить, иначе непонятно, откуда берутся их «выводы», тут же растиражированные в бесчисленном количестве средств массовой информации. Перейдем к тому, что на самом деле показывает ДНК-генеалогия по данным той же статьи, но что авторы не обсуждали и в текст статьи не включили.

Да, так какой же вывод «широкогеномного анализа» о происхождении этрусков? Да никакого, как обычно. В Абстракте опять сообщается, что происхождение этрусков дебатировалось столетиями, хотя это не есть главный вывод авторов, что заслужило бы размещения в Абстракте. Сообщается, сколько древних этрусков изучали, что в их ДНК нашли «степную предковость» (это неверно, как мы объясняли выше), более того, «с которой ассоциированы индоевропейские языки» (что опять же неверно, геном языки не показывает, просто авторы списали это из цитируемой ими же статьи Haak в Nature 2015 года, в которой тоже про языки ничего не было найдено, просто безосновательно декларировано). Наконец, авторы сообщили, что «идентифицировали северо-европейский компонент, который в итоге сформировал генетический ландшафт населения современной Италии». Вот и все.

Если применить к приведенным в статье гаплогруппам этрусков подходы ДНК-генеалогии, то самые надежные в отношении действительно этрусков были те, которые относились к временам Римского царства и начала Римской республики (2750 – 2500 лет назад, слегка округленно), и это были гаплогруппы R1b-P312, R1b-L2, R1b-L151, R1b-P310 (в сумме пять

образцов), и G2a – несколько ветвей, в сумме три образца, если это были действительно ископаемые этруски. Все перечисленные ветви-субклады гаплогруппы R1b – древние, вышли в континентальную Европу с Пиренейского полуострова за две тысячи лет до времен Римского царства, и, как видно, вошли в ДНК этрусков, тогда еще не поработанных и не ассимилированных римлянами. Впрочем, у древних римлян определенно были те же ветви гаплогруппы R1b, так что провести грань между теми и другими по гаплогруппам затруднительно. Здесь помогает лишь то, что древние римляне письменный язык этрусков не понимали, известно их выражение – *Etruscum non ligitur*, то есть «этруское не читается».

Поэтому данные по гаплогруппам можно понимать так, что в состав древних римлян и этрусков входили одни и те же гаплогруппы R1b, но вошли они в разные времена, и если у древних римлян язык был уже индоевропейский (который был перенят носителями R1b в конце II – начале I тыс до н.э.), то у этрусков продолжал оставаться древний, неиндоевропейский язык. Откуда он мог взяться? Данные, хотя и ограниченные, дают предварительный ответ – это или древний язык носителей R1b, то есть язык эрбин, который, возможно, остался и у басков на Пиренейском полуострове и на юге Франции, или язык носителей древней гаплогруппы G2a. Последнюю ископаемую гаплогруппу находят по всей Западной Европе с археологическими датировками между 7000 и 5000 лет назад. Ее носители были почти полностью истреблены эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, между 4500 и 4000 лет назад. Получается, что те носители гаплогруппы G2a, кого не удалось истребить (кстати, к этой же гаплогруппе относился и печально известный «ледовый человек» Отци, которого убили неизвестные преследователи в Альпах на границе с Апеннинскими горами примерно в те же времена), и образовали древнейший «субстрат» этрусков, вместе с представителями или потомками тех, кто их истреблял.

В период Римских республик, между 2500 и 2000 лет назад (слегка округленно) этруски постепенно сходили с исторической арены. Состав их гаплогрупп по данным упоминаемой здесь статьи, в этот период времени был следующий: R1b-P312, R1b-L2, R1b (другие разные ветви), G2a (разные ветви), видимо, потомки тех древних этрусков. Как мы видим, этруски еще держатся, их состав по гаплогруппам такой же, как во времена Римского царства.

Но с началом Римской империи, то есть с конца прошлой эры до 476 года н.э. (1545 лет назад), и еще на 600 лет позже, состав этрусков, или тех, кого за этрусков приняли, претерпел значительные изменения. Ископаемые ДНК показывают гаплогруппу G2a, но с датировкой 1300 лет назад, примерно 200 лет после падения Римской империи, так что эти G2a могли быть или потомками древних этрусков, или уже относительно недавними

визитерами, J2a (1700-1800 лет назад), J2b (1300 лет назад), R1b-L2 (1200 лет назад), R1b-L51 (970 лет назад), J1a (1040 лет назад), I1 и I1a (1600 и 1060 лет назад), R1b-Z2103 (1740 лет назад), R1b-M269 (1600 лет назад), J2a (1700 и 1800 лет назад), E1b (1300 лет назад). Мы видим, что в ходе владычества Римской империи в захоронениях предполагаемых этрусков появляются разнообразные ДНК с разными гаплогруппами. Видимо, тех, кто интересуется этрусками, они уже не должны особенно беспокоить. Могли быть и поздние захоронения на исторических местах обитания этрусков.

Важно то, что авторы сделали при отнесении «геномных данных» двойную ошибку – во-первых, никакой «степной наследственности» у этрусков нет (из 44 образцов ДНК Y-хромосомы только один образец можно отнести к потомкам ямников, причем потомок жил в 3-м веке нашей эры, через 3 тысячи лет после ямников), во-вторых, индоевропейских языков в ямной культуре не было. Да и откуда им там было взяться? Из Сибири? Из Северного Казахстана? Из Приаралья?

Таким образом, авторы «широкогеномной» статьи об этрусках пошли по ложному пути – о «степной предковости» и о якобы индоевропейских языках тех «степных предков», которых у этрусков тоже не было. Тем более что в авторах статьи об этрусках, напоминаю, был тот самый W. Naak, главный автор той самой статьи 2015 года. Круг замкнулся.

Вывод. Если бы авторы статьи про этрусков оставили в ней только список гаплогрупп Y-хромосомы и обсуждали только их, то статья была бы намного конкретнее и более информативной, и занимала бы всего пару страниц. И это было бы хорошо.

Пример 7. Лангобарды

Несколько лет назад в журнале «Nature Communications» вышла статья 24 авторов под названием (в переводе) «Понимание социальной организации и миграции варваров в 6-м веке с помощью методов палеогеномики»⁵. Как сообщают авторы, варвары в данном случае – это племя лангобардов (лонгобардов, или ломбардов), которые по историческим данным между 4-м и 6-м веками нашей эры продвигались по миграционному пути от Скандинавии через Паннонию (к тому времени бывшую римскую провинцию в центральной Европе) до Италии.

Образцы ДНК для анализа взяли из двух древних кладбищ, одно (Szolad) – в Паннонии, на территории современной Венгрии, с датировкой первой трети 6-го века (вторжение лангобардов в Италию произошло несколько позже, в 568 году), второе (Collegno) – на территории северной Италии, вблизи Турина, захоронения датируются между 580 и 630 гг. 354354354354354

⁵ Amorim, C.E.G. et al. "Understanding 6th-Century Barbarian Social Organization and Migration through Paleogenomics", Nature Commun. 9, 3547, doi: 10.1038/s41467-018-06024-4 (2018).

Соответственно, образцы нумеровались с приставками CZ (таких было 39) и CL (24 образца). Оба кладбища отнесены к лангобардам на основе сходства материальных признаков (керамическая посуда, оружие, щиты), что, конечно, не исключает, что на тех же кладбищах могли оказаться посторонние люди, не лангобарды. Это и должен был показать геномный анализ.

Особенность вопроса в данном случае состоит в том, что миграции лангобардов из Скандинавии в Паннонию и далее в Италию уже описаны историческими науками, но многие детали, конечно, неизвестны, и интересно, как эти миграции подтвердит геномный анализ (а он, конечно, подтвердит, просто по определению, зачем попугенетикам какие-то трудности?), и какие новые детали этих миграций исследователи вскроют, если, конечно, вскроют. Обычно не вскрывают, ограничиваются общими словами, по той же причине – зачем какие-то трудности? А то если вскроешь, так обосновывать же надо... Обратим на это внимание.

Так что же авторы «широкогеномного анализа» нашли? Пойдем по обычному, принятому в науке пути – взглянем на Абстракт статьи и на ее Заключение. По правилам научных публикаций там приведены самые важные находки проведенного исследования, причем в конкретном виде, не общими словами. Но, как и ожидалось, а ожидалось потому что это обычный стиль попугенетиков, Абстракт рассказывает о том, что *«несмотря на столетия исследований, продолжают горячие дебаты о миграциях варваров»*, о временах *«восхода современных европейских обществ»* и так далее. Уже становится ясным, что авторам сказать что-то новое особо нечего. Если напрямую – то вряд ли что-то новое нашли. После этого сообщается, что из двух кладбищ Венгрии и Северной Италии, которые были ранее *«ассоциированы с лангобардами»*, извлечены 63 образца, для которых проведен геномный анализ. Далее говорится о том, что на этих кладбищах выявлены *«не менее двух групп различного происхождения»*, которые *«различаются их погребальными обрядами»*. Наконец, последняя фраза Абстракта сообщает, что *«наши данные согласуются с предложенной протяженной миграцией из Паннонии в Италию»*.

Помилуйте, так эта миграция давно известна историкам и археологам. Так кем она «предложена» - авторами статьи? Или все-таки предложена давно - историками? Как водится, «геномные» попугенетики прямой ответ не дают, да и никакого определенного ответа вообще. «Данные согласуются». Попробовали бы они не согласовать. Об этой миграции уже полторы тысячи лет как известно. Об этом писал еще византийский историк Прокопий Кессарийский (490/507 – 565 гг), P. Diaconus (720-799) и другие древние историки.

Хорошо, посмотрим на Заключение статьи. Оно говорит о том, что миграции лангобардов из Паннонии в Италию в конце 6-го века были

«исторически документированы» (это мы и так знаем), что авторы статьи нашли «доминантную предковость» лангобардов из центральной или северной Европы на обоих кладбищах, и что генетические данные не показывают такую предковость ни в современной Венгрии, ни в современной северной Италии. Наш комментарий – это, конечно, более чем странно, что ни в Венгрии, ни тем более в Италии не осталось потомков лангобардов, которые расселились по всей Италии уже к последней четверти 6-го века:



Рис. 2. Расселение лангобардов по Италии. Источник – Википедия

Проблема с такими сообщениями «геномных» популяционных генетиков в том, что их нельзя проверить. Остается только верить им на слово. Как будет показано ниже, гаплогруппы и субклады в Паннонии и северной Италии совершенно обычны для современного населения Европы, в том числе Венгрии, Италии, Германии, Швеции (гаплотипы авторы статьи не определяли, у популяционных генетиков это сейчас не принято, потому что гаплотипы тут же поставят под сомнение выводы авторов, а авторам это не надо).

А дальше в статье начинается, а точнее продолжается вязкий, невнятный стиль, с предложениями сложной конструкции, из которого (стиля

статьи) ровным счетом непонятно, что хотели сказать, и что сказали авторы. Вместо того, чтобы сообщить, что именно показывает продукт переработки компьютером в исторической интерпретации, авторы сообщают, как «генетические картины» смещаются по отношению друг к другу по времени и по географии. Вот – образчики: *«геномы миграционного периода показывают довольно сильную корреляцию с современной географией»*. Пояснений нет. Как может геном «коррелировать» - остается непонятным. *«Образцы из Szolad и Collegno с высокой концентрацией центральной/северной предковости генетически ближе к популяциям бронзового века к северу от Венгрии, чем к самой Венгрии»*. Видимо, авторы силятся сказать, что лангобарды пришли с севера, и что их предки там жили еще несколько тысяч лет назад, в бронзовом веке, который в центральной Европе относят примерно к 4500-2500 лет назад, в Скандинавии – к 3700-2500 лет назад. Но напрямую они сказать не могут, наука у них такая, вокруг да около.

Далее – *«Венгрия показывает разнообразный и сдвигающийся генетический профиль от бронзового века к современности»*. Интересно, у какого региона нет «разнообразного профиля», и который бы не сдвигался от бронзового века? *«Наблюдающаяся некоторая смесь индивидуальных резидентов как с центральной/северной предковостью, так и с южной предковостью представляется разумной»*. Далее, *«наблюдение основного количества индивидуалов с центральной/северной предковостью в северной Италии бронзового века или современной Италии представляется неожиданной»*. Авторы, видимо, старались сказать что-то типа «откуда северяне оказались в Италии? Причем и в бронзовом веке, и в наши дни?» Причем, заметьте, они говорят это не с гаплотипами в руках, а усредняя геномы мужчин и женщин, которые бродили тысячелетия назад по всей Европе, и удивляются, откуда они оказались в северной Италии. Историки им же внятно рассказали про лангобардов, в частности, которые с севера пришли в Италию, чего уж тут удивляться про наше время. Да и про времена тысячелетия назад.

Далее авторы сообщают, что данные стронциевого изотопного анализа (делали и это) указывают на «миграционную гипотезу», и что *«самые ранние поселенцы в Collegno с центральной/северной предковостью были, видимо, мигранты, а поселенцы с южной предковостью были местными резидентами»*. Таким образом, продолжают авторы, *«наши результаты согласуются с тем, что эта группа (то есть лангобарды – ААК) произошла к востоку от Рейна и к северу от Дуная, и мы не можем отвергнуть эту миграцию, ее путь, и историю движения лангобардов, описанную в исторических текстах»*. Мило. Остается заметить, что с такими данными отвергнуть вообще ничего нельзя. А подтвердить известные описания, конечно, можно. Хорошую религию придумали индусы погенетики.

Наконец, авторы удивляются, как так могло получиться, что на обоих кладбищах имеется такое большое «генетическое разнообразие», и сообщают, что все ли они лангобарды, или там хоронили и других «варваров» - проверить невозможно. Последний, заключительный абзац статьи говорит о «социальной организации» и «популяционной структуре».

На этом всё заканчивается. Остается добавить, что вся статья с приложениями занимает больше 230 страниц, и содержит более ста рисунков.

После прочтения того, что выше, читатель может сам решить, что нового нашли авторы статьи в отношении миграций лангобардов. Надо сказать, что в приложении к статье содержится таблица гаплогрупп и снийпов для 22 останков из венгерского кладбища, и 16 – из североитальянского кладбища, но авторы их в контексте миграций не обсуждали. Гаплотипы, напоминая, в этой работе не определяли.

Вопрос - как авторы «широкогеномной статьи» анализировали гаплогруппы и субклады предполагаемых лангобардов? Ответ прост – практически никак не анализировали. В основном тексте статьи гаплогруппы вообще не упомянуты, соответственно, никаких выводов или хотя бы предположений с привлечением гаплогрупп или субкладов, которые авторы посчитали бы важными, сделано не было. Это не удивительно, потому что тогда сразу бы обнаружилось, что геномный анализ ровным счетом ничего не дает.

В приложениях на более чем 200 страницах гаплогруппы были упомянуты несколько раз, но в самом общем виде – сколько процентов было тех или других суммарно (!) на обоих кладбищах – R1b 55.3%, I 26.4%, E1b1 и T1a – по 5.3% (то есть по два образца среди 38). Авторы, похоже, не очень знакомы с математикой, потому что при таких количествах образцов расчеты нельзя вести с точностью до десятых долей, там погрешности намного больше, и выражаются в целых числах. Но это для популяционных генетиков – обычное дело. Там же сообщено, что единственная гаплогруппа R1a, обнаруженная среди всех 38 образцов (в захоронении в Паннонии), часто встречается в восточной Европе. Авторы ошиблись, потому что по их же данным этот образец относится к субкладу R1a-Z284, в восточной Европе такого субклада практически нет, это типичный скандинавский субклад, который часто встречается и на Британских островах.

Очередная ошибка – авторы отнесли гаплогруппу I2a-CTS9183 к Балканам, приняв ее за балканскую (и восточно-европейскую) ветвь I2a-Y3120. На самом деле ветвь I2a-CTS9183 западно-европейская, которая отделена от балканской десятками тысяч лет. Этот западно-европейский

(по региону пребывания в нашей эре) снип образовался примерно 10 тысяч лет назад (67 снип-мутаций назад, каждая образуется в среднем раз в 144 года, по данным YFull), и замыкает цепочку снипов

I2-M438 > I460 > M436 > M223 > CTS9183,

а балканские (в основном славянские) снипы, нижестоящие от Y3120, образовались в конце прошлой эры, примерно 2200 лет назад. Согласно приведенным снипам лангобардов, балканские снипы к лангобардам отношения не имеют. Всего этого в статье, конечно, нет.

Далее авторы переходят к формализованным компьютерным представлениям, которые практически никогда ничего никому не давали, кроме как в случае совсем очевидных случаев, когда и компьютер не нужен, без него все очевидно. Этот никчемный, формализованный и маловоспроизводимый подход называется «метод принципиальных компонент». Иллюстрация его из статьи приведена на рис. 3. Точки – это снипы наших современников, растянутые в двумерном пространстве, кружки – названия стран, в которых эти снипы обнаружены, а индексы с префиксом SZ и CL с последующими номерами – это номера образцов с двух упомянутых кладбищ. Идея диаграммы проста и почти бессмысленна – уловить, к снипам каких стран могут оказаться ближе лангобарды. Ну ладно, к Украине, Польше, России, Латвии и Турции они не близки, иначе было бы совсем странно. А по отношению к остальным 30 странам на диаграмме – полная неразбериха. Как, впрочем, и следовало ожидать. Исходя из этой диаграммы авторы и записали, что лангобарды – это «типичные европейцы», а что еще можно сказать, более конкретно? При взгляде на гаплогруппы и снипы это и так видно. Почти все образцы из итальянского кладбища имеют гаплогруппу R1b с типичными европейскими субкладами. На венгерском кладбище (в Паннонии) поровну носителей гаплогрупп R1b и I2a (на итальянском кладбище – ни одной гаплогруппы I2a не найдено, но авторы об этом практически ничего не говорят, поскольку гаплогруппы не анализируют и не обсуждают, кроме нескольких общих слов).

изотопного анализа», и «это позволяет предположить, что субъекты с обоими типами предковости мигрировали в Паннонию вместе, несмотря на их различия в материальной культуре», и далее, что «мы также заметили большое разнообразие среди не местных субъектов с центральной/северной предковостью, что позволяет предположить, что не все субъекты произошли из одного региона, прежде чем осели в Паннонии».

«Напротив – продолжают авторы – в итальянском захоронении пять субъектов с преобладающей южной предковостью являются местными по данным изотопного анализа». Вот и гадайте, зачем всё это авторы пишут, и какое это имеет отношение к картине миграций или к «социальной организации» лангобардов, не говоря о том, что из их данных это совершенно не следует. Заканчивается этот раздел так: «Похоже, это согласуется с моделью, что индивиды с центральной/северной европейской предковостью мигрировали и осели в северной Италии среди группы местных индивидов, преимущественно итальянского происхождения». Понятно, почему в этом разделе слово «лангобарды» уже не употребляется, вычленив их авторы уже потеряли надежду. Кто-то то ли пришел, то ли уже жил там, то ли осел среди местных жителей. Кто из них лангобарды, понятно, концов уже не найти. Такой вот геномный анализ вкупе с изотопным.

Наш комментарий - если сравнивать соотношения изотопов по «лангобардам», то без особых раздумий можно было бы сказать, что они подходят под Южную Скандинавию, Данию, Германию, Чехию, то есть в наличии слишком много вариантов. Но это – если без особых раздумий. А если подумать, то станет ясно, что этот подход работает только в том случае, если бы «лангобарды» перенеслись в Северную Италию, скажем, из Швеции, Германии или Дании за одно поколение, то есть родились и выросли (во всяком случае до подросткового возраста) в Швеции, и упокоились на кладбище в Северной Италии. Такое представить себе затруднительно. А если сформулировать по-другому, то для древних миграций такой подход с якобы идентификацией древней родины мигрантов просто не работает. Но «широкогеномные генетики» об этом, видимо, не думали.

Наконец, показательным примером стиля работы и достижений широкогеномных популяционных генетиков является их методология «адмикчер», то есть «примесности». Автор этих строк многократно приводил примеры в статьях на Переформате⁶ и в книгах, насколько изощренно-путаная эта «методология», к каким совершенно пустым выводам она приводит. Это – типичный пример формализованных компьютерных упражнений, когда за основу выбирается нечто сложное и неоднозначное, плохо понятное и плохо осмысленное, и далее используется как набор «компонентов» для разложения на части других сложных и неоднозначных систем, тоже плохо понятых и плохо осмысленных.

361361361361361

⁶ <http://pereformat.ru/klyosov/>

Поскольку компьютеру всё равно, он в любом случае команду выполнит и разложит систему на «компоненты», которые сами по себе и являются выводом «исследования». Большого смысла, как правило, в этом нет, да и воспроизводимость такой «методологии» авторы, естественно, не обсуждают. Как получилось, так и получилось.

Давайте посмотрим, как с помощью такой «методологии» изучали ДНК древних лангобардов, и какие выводы из этого сделали. Это в рассматриваемой статье называли «генетической структурой» образцов ДНК. Понятно, что компьютер что-то построит в виде диаграмм и разобьет на компоненты, ему деваться некуда. Говоря математическим языком, вероятность того, что он что-то построит, равна единице. Компьютер не скажет, что что-то здесь не складывается, и что он профанацией не занимается. И потому – давайте взглянем на то, что получилось с «лангобардами».

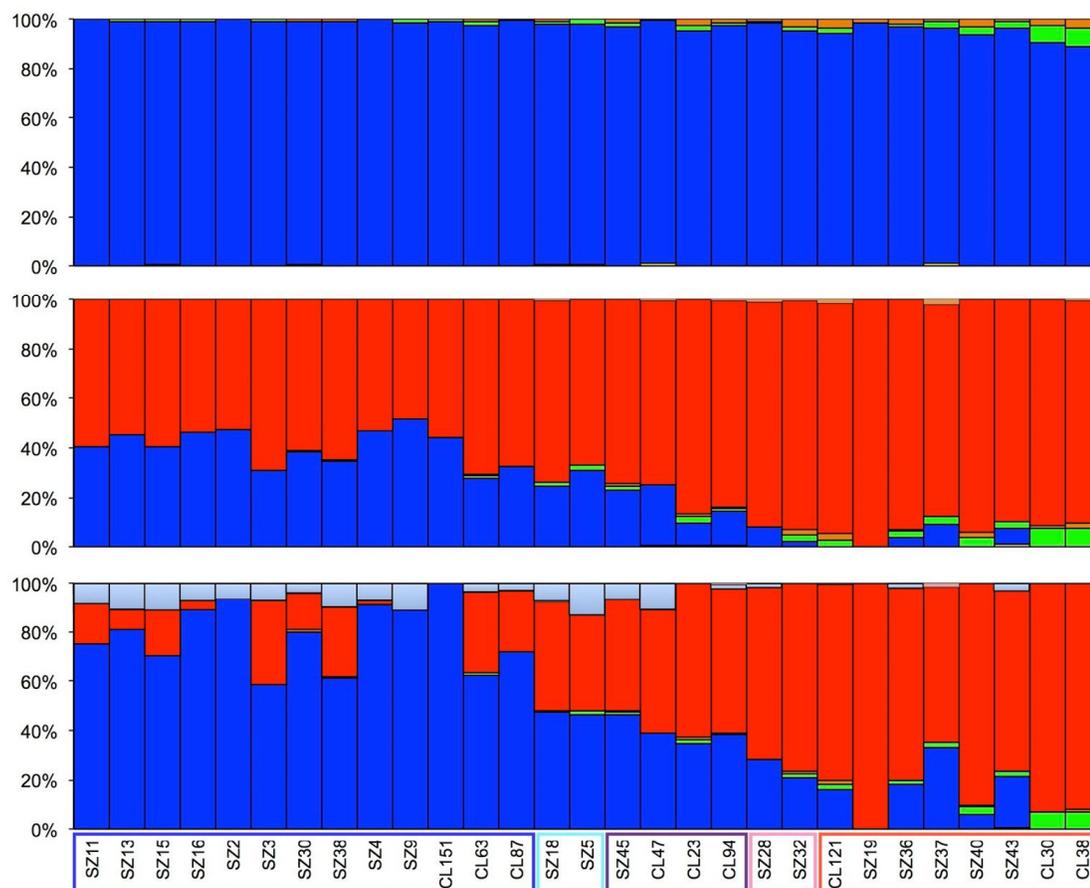


Рис. 4. «Генетическая структура» образцов ДНК предполагаемых лангобардов из захоронений в Паннонии (префиксы SZ) и Северной Италии (префиксы CL). Набор снипов в каждом образце (от сотен тысяч до миллиона снипов) компьютер «раскладывал» на произвольно заданное исследователями число компонент, которое по смыслу означало предполагаемое число предков для каждого образца.

Верхняя панель – закладывалось число компонентов, равное 4 ($K=4$), средняя панель – равное 6, нижняя панель – равное 8. Темные диаграммы – это усредненные современные геномы из Англии и американцев из штата Юта, которые приняты за центральных европейцев; светлые – современные жители итальянской Тосканы; остальные, минорные – современные финны, современные жители южной Азии, современные иберийцы, Йоруба, негроидные народы Западной Африки.

Диаграммы на рис. 4 – «компонентный анализ» по сходству геномов «лангобардов» с геномами референсных баз данных по странам и регионам. Методология популяционных генетиков требует предварительного «навязывания» компьютеру, сколько предковых компонент заложить в расчеты. Это число компонентов – совершенно произвольная величина, сколько заложим, то и получим. Независимой проверки нет в принципе. А картинки каждый раз получаются разные. В данном случае в качестве «компонентов» привлекались «референсные» наборы картинок снипов из 4 до 8 стран и регионов. Все 8 компонентов – это Англия и американцы из штата Юта в США, взятые вместе (темный тон); итальянская Тоскана (светлый тон). Почему Англию смешали с американцами из Юты – а так решили авторы статьи. По их сообщению, не разделяются.

Результат – верхняя панель, состоящая из четырех «предковостей» – почти сплошной темный тон. То есть при закладывании четырех «предков», или при разложении на четыре компоненты, что то же самое, «лангобарды» оказываются на 99% (и более) англичанами и американцами из штата Юта. Последнее, конечно, забавное недоразумение, речь о 6-м веке нашей эры, но по смыслу, в общем, понятно. Англичане и кто там в штате Юта – доминируют среди потомков «лангобардов» и из Паннонии, и из Северной Италии. У двух образцов из Италии (30 и 38) оказалось около 10% «южноазиатской компоненты», это – носители гаплогрупп E1b и R1b, как видим, анализ «генетической структуры» их даже не разделяет. Как не разделяет он носителей гаплогрупп I2a и R1b, как и всех остальных.

Ну ладно, если «лангобарды» из Паннонии и Италии сплошь предки современных англичан (что, конечно, было бы странно, зная, что они заселили почти всю Италию, см. карту выше), то так тому и быть, так говорит геномный анализ. Наука на марше. Но при 6 «предковостях» (то есть 6-компонентном разложении данных) диаграмма оказывается уже совсем другой, как показывает средняя панель. Теперь мы видим, что потомки «лангобардов» – на три четверти итальянские тосканцы (светлый тон), и на четверть – американцы из штата Юта и англичане. Сюрприз. Гаплогруппы E1b и R1b опять не разделяются, но теперь они уже не предки англичан, а предки итальянцев. В последней панели три первые колонки – это носители гаплогрупп R1b, I2a и R1a, соответственно, и все три практически идентичны по «генетической структуре». Ах, да, это же

не только мужчины, это геномы, усредненные для мужчин и женщин... Да еще там и «сходство по случайности», «сходство по обязательности сходства», и то, что ДНК с миллионом снипов порубили в капусту, а там рыбу заворачивали... ©. И это действительно стоит того, чтобы это анализировали с целью изучения миграций? Вы это серьезно?

На этом остановимся, данные диаграммы подробно разбирались в книге «Происхождение народов»⁷. Оставим эту «науку на марше» для оценки читателю, что там это дает для «лучшего понимания лангобардов», как ставилось целью данного исследования. Понятно, что когда в статье с приложениями более 200 страниц и более 100 графиков, то что-то из этого можно вытащить. Например, пояснения, почему могилы расположены так, что кто-то в центре, а остальные вокруг, или кто на кладбище близкие родственники друг другу, но мы-то о другом, о «понимании миграций с помощью палеогеномики», как заявлено в названии статьи.

У меня нет сомнений, что следующая статья о «геномном анализе» провозгласит, что предыдущая статья явилась крупным успехом в понимании, кто такие были лангобарды и какие у них были миграции, и что статья значительно продвинула науку вперед. Это – обычный стиль погнетиков, а в последнее время стал обычным стилем и «геномных» погнетиков. Лженаука? Да нет, лженауки не бывает в принципе. Просто современный стиль «подачи». То ли коммерческая наука, то ли научная коммерция, то ли такой способ получения грантов. Ясно, что статью в 200 страниц и 100 графиков читать никто не будет, тем более статью с тем вязким стилем, что предлагается читать, при практически полном отсутствии результатов и выводов в Абстракте и в Заключение. Такая теперь у них «наука».

Не будем подробно разбирать то, что сумела из этого вынести ДНК-генеалогия, это проведено в цитируемой выше книге. Но авторы дали для ДНК-генеалогии немного, они ведь не определили гаплотипы в образцах ДНК «лангобардов» из Паннонии и Северной Италии, что полностью бы развернуло статью в правильную и продуктивную сторону. Родство между «лангобардами» стало бы намного более ясным, прояснился бы маршрут миграции, его исходный регион. Но – гаплотипы не определили, чем лишили себя богатого материала. Зато определили гаплогруппы и снипы/субклады, скажет оптимист. К сожалению, не совсем. Определили небрежно, спустя рукава. Может, потому, что работали с малой степенью покрытия, по оценкам автора равной всего единице на образец. Почти везде недотипировали, то есть определили только совсем древние снипы, которые ко временам лангобардов почти неприменимы, с ними разве что можно установить «родство» на уровне многих тысяч лет назад.

364364364364364

⁷ Клёсов, А.А. Происхождение народов. Очерки ДНК-генеалогии. М., Наше Завтра, 2021.

Всё, что можно сказать о «связке» образцов предполагаемых лангобардов гаплогруппы I2a на кладбище в Паннонии и в Северной Италии – это то, что две различные ветви гаплогруппы I2a в Паннонии, которые по мужской линии даже относительно близкими родственниками быть не могут, до кладбища «лангобардов» в Северной Италии не дошли, или просто не найдены. Что касается «лангобардов» гаплогруппы R1b, то из Паннонии дошли до кладбища в Северной Италии только носители германского (в основном) субклада U106-Z381, и носители «южного» субклада R312-U152. Поскольку более глубокие сніпы в статье определены не были, то неизвестно, это совпадение случайное или «родственное». Субклады Z2103, L2-Z367, R312-L21 никакой связки между изучаемыми кладбищами в Паннонии и Северной Италии не обнаруживают. Как и носители гаплогрупп I1 (разные субклады на обоих кладбищах), как и E1b (то же самое), как и T1a (то же самое), как и G2a.

Конечно, можно находить этому причины, ссылаться на малую статистику, на то, что в задачи статьи определение глубоких сніпов и гаплотипов не входило, что это два разных случайных кладбища, но мы не об этом. Мы о том, что обе группы «лангобардов» настолько разнородные и настолько различаются (в изучаемых выборках) в Паннонии и Северной Италии, что говорить о них как о звеньях одной миграции не приходится. Единственное, что обе группы связывает, это ниточка R1b-U106-Z381, типичная для Германии, но которая образовалась (по имеющимся данным) на Пиренейском полуострове примерно 4750 лет назад. Похоже, что намного позже с лангобардами этот субклад прибыл в Северную Италию. Как подобную ниточку можно рассматривать и сніп R1b-U152, но для него в Паннонии и Северной Италии найдены различные нижестоящие субклады. Помимо того, он настолько распространился по Европе за тысячелетия до лангобардов, что столь поверхностные показатели реально ничего не дают. Опять, приходится сожалеть о том, что авторы не определяли гаплотипы и более глубокие сніпы, но они, видимо, полагали, что их «геномная методология» что-то даст. Да, что-то дала. Но не более того. И не ответ на поставленный вопрос по миграциям лангобардов.

Финальное наблюдение – никаких данных о том, что лангобарды вышли из Скандинавии, статья не предоставляет. То, что на кладбище в Паннонии и Северной Италии найдено по одному сніпу группы I1, этого мало. Как мало и то, что на кладбище в Паннонии (но не в Северной Италии) найден один образец со «скандинавским» сніпом R1a-Z284. Подобные есть и в Германии, и на Британских островах, и на севере Франции. Иначе говоря, если на указанных кладбищах хоть часть останков были лангобарды, то практически ничего не указывает на их скандинавское происхождение.

Пример 8. Сюнну

В апреле 2023 года в журнале *Science Advances* вышла статья под названием «Популяционно-генетическая структура империи сюнну в имперском и местном масштабах»⁸. В Приложении к статье приведены несколько десятков гаплогрупп сюнну и их исторических предшественников с территории, простиравшейся от Алтая до Байкала. Десять Y-хромосомных гаплогрупп авторы определили сами, и еще 57 – взяты из литературы. Как принято у популяционных генетиков, гаплогруппы в статье они не рассматривали, им не интересно.

В статье занимались тем, что пытались найти связь между «генетическим разнообразием» аристократии сюнну, с одной стороны, и местной элиты, с другой, а также «низов» империи сюнну. Как авторы сообщили, аристократия имела самое малое «разнообразие», местная элита – среднее «разнообразие», а «народ» – максимальное генетическое разнообразие. Понятие «разнообразие» (*diversity*) в статье не определено, хотя оно повторяется 44 раза на 10 с небольшим страницах. Ясно, что такое в принципе «разнообразие», но оно может выражаться разными путями. В ДНК-генеалогии его нет по причине неконкретности, потому что «разнообразие» – это по сути датировка времени жизни общего предка серии гаплотипов, которое отражает «разбег» мутаций, и «разнообразие» – это вариация разных гаплогрупп Y-хромосомы в рассматриваемой серии образцов ДНК, а если добавить и мтДНК, то «разнообразие» резко возрастет, только толк от этого никакой, кроме как записать «большое разнообразие», что популяционные генетики и делают. Толку в этом никакого, кроме сугубо качественного описания.

Приведу мой пример с элитой и народом – в Индии в высших кастах разнообразие относительно небольшое, там большинство носителей гаплогруппы R1a, а у брахманов в понятиях популяционных генетиков разнообразия никакого – у них гаплогруппы R1a до 95%. А в «народе» – большое «разнообразие», там буквально все гаплогруппы, причем с очень древними общими предками. И таких примеров можно приводить множество. Вот авторы обсуждаемой статьи тоже решили получить подобный пример для сюнну, и получили такой же – в аристократии «разнообразие» небольшое, как они заключили, и чем ниже по сословной лестнице, тем больше «разнообразие». Но это заключение более чем спорное, потому что их методы не те, которые бы приводили к бесспорным выводам и заключениям. Это мы много раз показывали в предшествующих статьях, где аналогия «гадание на кофейной гуще» вполне подходит. И даже является мягким.

366366366366366

⁸ Lee, J. и др. Genetic population structure of the Xiongnu Empire at imperial and local scales. *Sci. Adv.* 9, eadf3904 (2023).

Надо заметить, что руководитель авторского коллектива С. Jeong из Ю. Кореи – ученик двух ведущих популяристов, J. Krause из Германии и D. Reich из США, начиная с 2020 года он опубликовал с одним и другим более 20 статей (до этого публиковался в своем коллективе), и копирует стиль их статей, о чем я немало писал в предшествующих очерках. Особенности этого стиля – вязкий, практически нечитаемый текст, насыщенный деталями, которые проверить невозможно, протяженные обсуждения «геномной популяризации» в отношении «похожестей», которые не являются количественной мерой, гаплогруппы в их статьях не обсуждаются, хотя приводятся в Приложении. Гаплотипы никогда не определяют. Каждая статья начинается с Введения исторического характера, под которое затем подгоняются «геномные» результаты и интерпретации, чем нарушается основной принцип научных статей – результаты и выводы смежных исследований не должны оказывать воздействия на описание результатов работы и ее выводов и интерпретаций. Выводы и интерпретации должны быть независимыми, и описаться только на полученные результаты. Когда результаты, интерпретации и выводы изложены, только тогда они подлежат сопоставлению с полученными ранее исследованиями в смежных областях.

В статьях «геномной популяризации» все наоборот – сначала «историческая картина», затем в нее встраиваются «выводы» популяризации, при этом всегда подтверждающая. Это удобно и бесконфликтно.

Это отражается и в стиле и формате Абстракта. Поскольку выводы обычно вязкие и неконкретные, а другими они быть и не могут при принятой «методологии» - ну как гадание на кофейной гуще может быть конкретным и с конкретными результатами? – то в Абстракт поместить особо нечего. Поэтому первая часть Абстракта состоит из фрагментов Введения, что в Абстракте недопустимо, там должны быть наиболее важные результаты и выводы, и остальная часть – та самая неконкретность. Вообще статьи «геномных популяристов» описывают процесс, а не результат. Поскольку результат, повторяю, всегда неконкретный, а чаще навеян современными представлениями исторических наук.

Не исключение и Абстракт рассматриваемой статьи. Сообщается, что сунну создали первую кочевую империю, которая «контролировала» евразийские степи приблизительно с 200 гг до н.э. до 100 гг н.э. Это, конечно, не вывод статьи, это списано у историков. Дальше отмечается, что недавние исследования древних ДНК показали *«исключительный уровень генетического разнообразия по всей территории империи сунну, что согласуется с историческими сведениями о том, что империя сунну была полиэтничной»*. Это опять не выводы авторов, это должно быть во Введении, а не в Абстракте. Наконец - что остается неясным, как это

многообразие «структурировано» на уровне локальных сообществ сюнну или их социополитическом статусе. Это, конечно, опять не вывод статьи, это должно быть во Введении. Но половина Абстракта уже заполнена.

Дальше сообщается, что авторы статьи изучали аристократические и местные элитарные кладбища в западной части империи сюнну. Это опять не вывод статьи, это – к Введению. Для Абстракта осталось пять строк. В этих пяти строках авторы сообщают, что изучили геномы 18 индивидов, и показали, что «генетическое разнообразие» в пределах их сообществ такое же, как и во всей империи в целом, и что высокое разнообразие наблюдалось даже в «расширенных семьях». Далее, сообщили, что «генетическая гетерогенность» была самой высокой у индивидов с низким (социальным) статусом, то есть у них было различное происхождение, а индивиды с высоким статусом показывали менее выраженное генетическое разнообразие, что, по мнению авторов, свидетельствовало о том, что элитный статус и власть концентрировались в «специфических группах» популяции сюнну.

На мой взгляд, это банально и неинтересно. Думаю, и другие вряд ли возденут руки в изумлении при решении такой исторической загадки у сюнну... Это – ирония.

Но даже этот вывод, на взгляд автора этих строк, является более чем спорным. Авторы ведь не рассматривали гаплогруппы, которые сами привели в Приложении. Таких гаплогрупп в данном исследовании было найдено десять, шесть в аристократических элитных захоронениях (индекс ТАК), как следовало из надгробных памятников, и четыре – в местных захоронениях статусом ниже (индекс SBB). Это все – мужчины:

ТАК: F-M89, CT-M168, CT-M168, C2b-F1756, R1b-M343, R1a-Z645-Z93-Z94

SBB: A, C2b-F1756, C2b-F1756, C2b-F4015

Никаких «разнообразие ниже в аристократических захоронениях» это не показывает, напротив, оно выше, чем в другой группе, что в статье называют то местным элитным, то «прочим». Да и вообще говорить о разнице в «разнообразии» при такой статистике не приходится.

Если «разнообразие» включает мтДНК, то они следующие: в аристократических захоронениях (ТАК) они W3a1, A15, C4d, D4b1a, D4e1, H1. То есть все разные, что, видимо, должно еще более увеличивать «разнообразие». В местных захоронениях статусом ниже они следующие: D2b, H7b, U2e2, A10. Опять все разные.

И в этом серьезная проблема со статьей. В длинном, запутанном тексте мелькают индексы, названия программ, многочисленные отвлечения, и при попытках разобраться вылезают очевидные противоречия, как показано выше. Возможно, авторы хотели сказать что-то другое, но проследить их мысль невозможно. Это касается и иллюстраций. В статье показаны диаграммы «примесности», что моделировали как смесь двух или трех популяций. Цвета, как обычно у популяционных, не объяснены, это просто некие абстрактные составляющие с неясным смыслом. Как авторы отмечают, для образцов ТАК008 и ТАК009 даны расчеты в двух вариантах, это образцы R1b-M343 и R1a-Z94. Согласно диаграмме, это почти одно и то же в обоих вариантах моделирования. Но мы-то знаем, что это принципиально две разные гаплогруппы. Никак они не могут давать одинаковые полосы на диаграммах, но авторы это даже не обсуждают. Так получилось.

Далее, ТАК4 и ТАК5 – это одинаковые гаплогруппы СТ-M168, но на диаграмме они имеют разный цвет. Что сие означает – ответа нет⁹. Далее, смотрим на полосы ТАК3 и ТАК6. Они в точности одинаковы по форме, но цвета разные. Но это – совершенно разные гаплогруппы, F-M89 и C-F1756. Что в них за компоненты, причем разного цвета – пояснений нет. Если там отражен вклад женщин, то мтДНК, как отмечалось, у всех образцов разные.

Если здесь, у образцов аристократов, какой-то сбой, то посмотрим на «местную элиту». Образцы SBB001 и ТАК6 (выше) – одна и та же гаплогруппа, C-F1756, но полосы на диаграмме совершенно разные. То есть их «предковость» принципиально различается. Подобная же нестыковка с образцами SBB009 и SBB010, гаплогрупп C2b1a1 и C2b1a1b, но полосы совершенно разные. Впрочем, мы знаем о «моделировании» геномных популяционных, так что такие драматичные нестыковки у них – обычное дело. Мы уже много раз в предшествующих статьях поясняли, в чем там дело – компьютер ищет «похожести», а похожести имеют самые разные причины – похожести по случайности, похожести по обязательности (люди по ДНК вообще похожи друг на друга более чем на 99%), похожести по наследственности, эти самые минимальные, вся получаемая каша «фильтруется» с помощью разных программ, и результат, как правило, непредсказуем. Он – налицо.

Уже понятно, что серьезно рассматривать результаты и «выводы» рассматриваемой статьи – дело безнадежное. Мало того, что они неинтересны в том отношении, что не решают никаких исторических загадок, но они еще и представляют некую мешанину из нестыковок. Поэтому перейдем к краткому рассмотрению гаплогрупп, помещенных в

⁹ Диаграммы в цвете приведены в статье «Структура верхушки и низов народа сиюны по данным популяционной генетики: взгляд со стороны ДНК-генеалогии» – Клёсов, А.А. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 9, 1300-1307, 2023.

приложение к статье. Сами авторы упомянули гаплогруппы в статье всего в одной фразе, причем это относилось к литературным данным. Авторы заметили, что одни образцы имели гаплогруппу Q, еще три образца (железного века) с одной территории имели гаплогруппу C, и сюнну имели гаплогруппы как Q, так и C. После этого идет крайне невразумительная фраза, которая начинается с «*хотя это не окончательно*», и далее «*это предлагает, что источник предковости древних северо-восточных азиатов (ANA) индивидов периода сюнну не может быть прослежен исключительно до культуры плиточных могил, и может также включать соседние группы с подобными генетическими профилями...*». Кто что понял? Более того, включение двух отрицаний в одну фразу превращает ее в некую шараду.

Больше с данной статьей продолжать не имеет смысла.

Если посмотреть на прилагаемые к статье гаплогруппы с точки зрения ДНК-генеалогии, то они практически все недотипированы, то есть определены только поверхностные гаплогруппы, которые образовались десятки тысяч лет назад. Это относится к гаплогруппам сюнну и их предшественников, в частности, культуры плиточных могил (в Монголии, 1100-300 лет до н.э.). Гаплогруппы сюнну - A, CT, C2b, F, R1a и R1b. Для территории между Алтаем и Байкалом это, в общем, ожидаемо, кроме гаплогруппы A, с которой велика вероятность ошибки (и вообще, нет такой гаплогруппы A), и CT, которая определено недотипирована. На самом деле недотипированы здесь все гаплогруппы, поскольку они относятся к переходу от старой к новой эре, то есть относительно недавнему периоду. У всех этих гаплогрупп должны быть десятки нижестоящих субкладов, которые авторы не определили. Поэтому толку от них (таких гаплогрупп) мало. Единственный умеренный интерес представляет гаплогруппа R1a-Z645-Z93-Z94 (у авторов статьи это записано как R-Z94), которая имеет историю миграций от фатьяновской культуры (4900-4000 лет назад) через абашевскую, потаповскую и синташтинскую культуры, далее, от южного Урала, через карасукскую и тагарскую культуры на Алтай и сопряженные регионы. Так что и здесь ничего нового нет, история гаплогруппы R1a-Z94 хорошо известна в ДНК-генеалогии.

Но авторы обсуждаемой статьи привели из литературы несколько десятков гаплогрупп сюнну и предшественников, видимо, все от I тыс до н.э. с переходом в нашу эру, хотя датировки авторы статьи не привели. Этот список дает неплохое, пусть и поверхностное описание родового состава мужского населения между Алтаем и Байкалом. Наиболее представленными на переломе эр были носители гаплогрупп C2b, Q1a и R1a, что было нам известно и что в целом соответствует современному населению Южной Сибири, в частности, малым сибирским

народностям¹⁰. Особенно следует отметить гаплогруппу R1a, в которой все показанные сипы вышли из Восточной Европы, а именно из фатьяновской культуры и сопряженных культур (абашевская, потаповская, срубная), прошли через синташтинскую культуру (4000-3600 лет назад), последующие культуры Зауралья – карасукскую, тагарскую, и культуры скифского круга Алтая. В статье этого, конечно, нет.

Гаплогруппу R1a не нашли в культуре плиточных могил, в которой, видимо, ведущую роль играли носители гаплогруппы Q1a и Q1b. К сожалению, в отличие от R1a, образцы R1b авторами статьи были принципиально недотипированы, или, иначе говоря, тестированы очень поверхностно. Поэтому происхождение R1b у ранних сюнну осталось неизвестным – или это афанасьевская культура южной Сибири, с их R1b-Z2103, или мигранты из Таримского бассейна, или носители других субкладов гаплогруппы R1b из южной Сибири.

Остальные, единичные образцы с другими гаплогруппами, могут быть совершенно случайными на территории империи сюнну и ее предшественников. Для южной Сибири они нехарактерны, например, A, CT и NO (видимо, типированы очень поверхностно), E1b-V22, F-M89, G2a, J1, J2, особенно J1-P58, типичная для Ближнего Востока. Но даже при таком уровне типирования этот список полезен для общей картины гаплогрупп южной Сибири 2-3 тысячи лет назад с «высоты птичьего полета». «Полезен» - это при нашем рассмотрении, авторы гаплогруппы, повторяем, практически не рассматривали. Поэтому их основной вывод - *«это предлагает, что источник предковости древних северо-восточных азиатов (ANA) индивидов периода сюнну не может быть прослежен исключительно до культуры плиточных могил, и может также включать соседние группы с подобными генетическими профилями...»*. Информативно?

В таком же стиле проводятся и другие «исследования» методами «широкогеномной генетики». Их система в целом ясна, не будем

приводить другие примеры, желающие могут ознакомиться с их разбором в публикациях, например, ^{11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22}

Итак, байка, приведенная в заголовке настоящего раздела, неверна. Она неверна не только с точки зрения обычной логики, но и при рассмотрении данных ДНК-генеалогии и «широкогеномных» данных. Первые, как правило, четкие и конкретные, вторые – продукт рассмотрения «похожестей» со всеми неопределенностями и практически бесконечным числом степеней свободы при интерпретациях. Чего нет в выводах «широкогеномных» подходов к изучению истории древнего мира – так это информативности. Приведенные в данном разделе примеры это убедительно демонстрируют.

372372372372372372_____

¹¹ Клёсов, А.А. Геномы 356 древних европейцев, данные 2023 года. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 5, 660-677, 2023.

¹² Клёсов, А.А. Гаплогруппы Волго-Окского междуречья 1800-200 лет назад: подходы ДНК-генеалогии и «геномной попугенетики». Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 5, 678-695, 2023.

¹³ Клёсов, А.А. Балановская и аланы: очередной всплеск ненауки. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 4, 500-509, 2023.

¹⁴ Клёсов, А.А. Ископаемые ДНК в 2022 году. ДНК-генеалогия и «геномная попугенетика». Африканцы, 9 тысяч лет назад и позже. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 2, 179-192, 2023.

¹⁵ Клёсов, А.А. Ископаемые ДНК в 2022 году. ДНК-генеалогия и «геномная попугенетика». Западные кочевники железного века – скифы, сарматы, киммерийцы и как-то попавшие к ним срубники. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 2, 192-208, 2023.

¹⁶ Клёсов, А.А. «История скифов» глазами геномных попугенетиков
<http://pereformat.ru/2021/08/scythians/>

¹⁷ Клёсов, А.А. Гора популяционных генетиков родила... Части 1 и 2.
<http://pereformat.ru/2021/04/popgen-1/>, <http://pereformat.ru/2021/06/popgen-2/>

¹⁸ Клёсов, А.А. Очередная «геномная история», на этот раз Леванта на Ближнем Востоке.
<http://pereformat.ru/2021/03/klyosov-levant/>

¹⁹ Клёсов, А.А. Белиберда «геномных попугенетиков» про народы России.
<http://pereformat.ru/2020/02/beliberda-popgenetikov/>

²⁰ Клёсов, А.А. Очередная сага об «африканском прародителе человечества».
<http://pereformat.ru/2020/02/african-saga/>

²¹ Клёсов, А.А. Древняя история Кавказа: «широкогеномный анализ» попугенетиков.
<http://pereformat.ru/2018/07/maykop/>

²² Клёсов, А.А. «Геномный анализ» попугенетиков о древней истории Средней Азии и Индии.
<http://pereformat.ru/2018/04/genomic-formation-asia/>

Мы не произошли от неандертальцев

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Еще не так давно специалисты убедительно считали, что Homo sapiens не произошли от неандертальцев. В последнее время популяризаторы шаг за шагом сдвигают ситуацию к тому, что мы произошли от неандертальцев, убеждая в этом общественность и самих себя. Иначе говоря, ситуация представляет пример «перевертыша» - много лет назад в науке полагали, что неандерталец – наш предок, затем было показано, что это неверно, и вот несколько лет назад генетики ввели понятие «примесности неандертальца» в современном человеке и запутали «широкие массы», которые приняли «примесность» за прямое происхождение. Как грибы стали появляться коммерческие компании, которые за немалые деньги стали определять «процент неандертальского происхождения», который «остался в ДНК», у желающих за это заплатить.

Как было показано, что неандерталец – не наш предок? Эти данные были получены еще в конце 1990-х годов научным коллективом под руководством будущего лауреата Нобелевской премии Сванте Паабо²³, которые показали, что мтДНК неандертальцев далеко отстоит от мтДНК современного человека, еще дальше отстоит мтДНК шимпанзе. На рис. 5 эта иллюстрация различий в последовательности мтДНК показана в виде кривых распределения нуклеотидов в ДНК современных людей, ДНК современных людей и неандертальцев, и ДНК современных людей и шимпанзе.

373373373373373373

²³ Krings, M. и др. Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans. Cell, 90, 19-30 (1997)

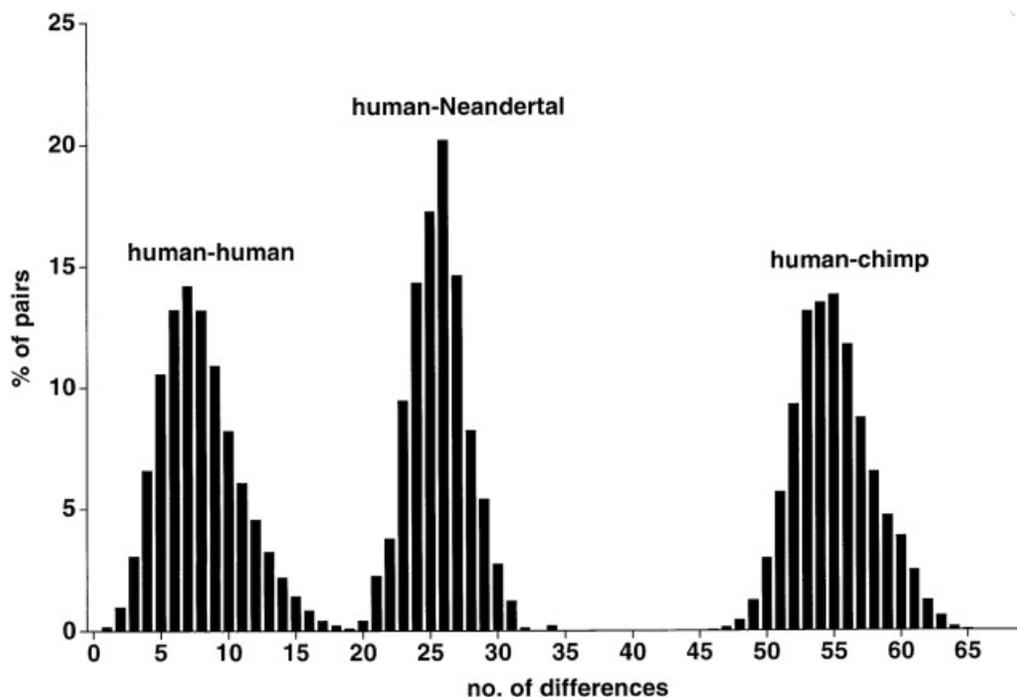


Рис. 5. Распределение нуклеотидов в последовательностях ДНК у современных людей, у современных людей и неандертальцев, и современных людей и шимпанзе. Из статьи Krings и др. (1997)

Первое распределение – среднее различие в 8 ± 3 нуклеотидов, второе – в 27 ± 2 нуклеотидов, третье – в 55 нуклеотидов. Но с тех пор данные забылись, и генетики увлеклись «примесностями». Более того, в последнее время они стали заменять термин «примесность» на «предковость», чем еще более запутали свои рассуждения, и запутали не слишком подготовленных читателей и слушателей. Один пример из множества – недавно археолог А. Буровский выступил с видео-сообщением для широкой аудитории, в котором многократно повторял, что «мы произошли от неандертальцев»²⁴. На самом деле в науке, строго говоря, не говорят о нас как «потомках» неандертальцев, говорят о «примесности», это относительно новый термин в «геномной популяционной генетике», который появился в результате «компьютерного моделирования» фрагментов геномов.

Методология этого довольно проста, и отражает проблемы в интерпретации получаемых данных. Методология такова – извлекается геном, то есть совокупность всех ДНК человеческого (в данном случае) организма, рассекается на множество фрагментов, больших и каких получится, и сравнивается с подобным же рассеченным геномом того, с кем надумали сравнивать. Иначе говоря, сравниваются нуклеотидные

374374374374374

²⁴ Клёсов, А.А. «Косяки» А. Буровского о происхождении славян. Вестник Академии ДНК-генеалогии, т. 16, № 9, 1278-1299 (2023).

последовательности огромного количества фрагментов с подобным огромным количеством нуклеотидных последовательностей фрагментов другого организма. А поскольку геномы разных людей (неандерталец – тоже человек, он тоже Homo, только не Homo sapiens, а Homo neanderthalensis) одинаковы на уровне 99.5%, то, понятно, что и фрагменты ДНК того и другого будут почти одинаковы. Кстати, 0.5% ДНК – это примерно 16 миллионов нуклеотидных пар. Они и отвечают за различия между нами и неандертальцами.

Так вот, исследователи ищут, в какой степени эти фрагменты одинаковы у нас и неандертальцев, чтобы выразить эту «одинаковость» в процентах. Это – сложная игра, просто потому, что одинаковостей слишком много, а надо найти «особые одинаковости», это и есть «примесность». Чтобы «простые одинаковости» отфильтровать от «особых одинаковостей», то есть «нормировать» на «простые одинаковости», применяют разные компьютерные модели, у каждого исследователя свои. Нормируют, в частности, на геном шимпанзе из зоопарка, поскольку шимпанзе принимают за общего предка неандертальца и человека, что, конечно, неверно. Шимпанзе – это боковая ветвь, идущая от действительно общего предка всех троих – сегодняшнего шимпанзе, сегодняшнего человека, и древнего неандертальца. Поэтому нормировать по шимпанзе неправильно, это приводит к дисбалансу остатка мутаций, а именно по мутациям ведут расчеты. Вот этот дисбаланс и выражается в том, что «примесность» нуклеотидов неандертальца у современного человека варьируется обычно от 2% до 4%.

Причем, что достаточно забавно, у африканцев этой «примесности» не нашли, хотя понятно, что с точки зрения эволюции человека африканцы и неафриканцы – на одной ветви, ветви Homo sapiens. А забавно – еще и потому, что в числе африканцев – множество бывших неафриканцев, которые в ходе многих тысячелетий мигрировали в Африку. Например, в Камеруне и Чаде живут миллионы носителей гаплогруппы R1b-V88, которая образовалась (наиболее вероятно) в виде гаплогруппы R1b в южной Сибири, около 20 тысяч лет назад, там же найдены ископаемая гаплогруппа R, недалеко от Байкала, с археологической датировкой 24 тысячи лет назад, и затем прошла (в частности) в Европу, где-то на своем миграционном пути образовав субклад R1b-V88. На Балканах нашли много древних костных остатков с субкладом V88 и датировкой 9-7 тысяч лет назад. Оттуда они ушли в Африку и на Ближний Восток, и датировки их общих предков составляют 6000-4500 лет назад. Ясно, что если у неафриканцев эта «примесность» есть, то она есть и у носителей гаплогруппы R1b, а значит, и у африканцев, но ее почему-то не нашли. Дальше уже можно в расчетах и не копать, ясно, что они «кривые».

К фразе «у африканцев примесности неандертальцев не нашли» стоит добавить, что недавно ее нашли в количестве 0.3%, хотя пояснили, что это

не «африканская примесность», а «примесность» у тех неафриканцев, которые прибыли в Африку со стороны²⁵. Как видим, сути эта поправка не изменила.

В любом случае, повторяю, что это не о «наших предках» в виде неандертальцев, а о некоторой «примесности». Примитивный пример – ваш дядя явно не ваш предок, но «примесности» его в вашей ДНК, как и наоборот, предостаточно. Просто потому, что генеалогия его и вас до определенного этапа общая. Так и у нас с неандертальцем – генеалогия ранее нескольких сотен тысяч лет назад – общая, но он не наш предок.

Разновидностью байки, что мы произошли от неандертальцев, является вброшенный упомянутым А. Буровским пассаж, что в отличие от других людей на планете «неандертальского гена» нет у лапоноидов. Напомним, что лапоноиды – носители лапоноидной расы, она же субарктическая раса, она же северный вариант уральской расы. Ее в настоящее время относят к саамам (лопарям). В контексте настоящего изложения упомянем, что у саамов довольно высокая доля гаплогруппы N1a, 39-41% (по разным выборкам), далее идет гаплогруппа I, 17-33%, затем гаплогруппа R1a, 18-22%, и, наконец, гаплогруппа R1b, 6-9%. Как мы видим, саамы – смесь разных родов, с разным историческим происхождением. И вот здесь возникает вопрос – как это так, если у всех других носителей тех гаплогрупп есть «неандертальский ген», то почему его нет у саамов, если они – потомки тех самых носителей упомянутых гаплогрупп?

Ответ здесь простой. Буровский это сам придумал, это его фантазии. Да и вообще, что такое «нет неандертальского гена»? Что такое этот самый «неандертальский ген»? Обычно принимается, что у человека примерно 23 тысячи генов, примерно столько их должно было быть и у неандертальца. Так о каком гене говорит Буровский? Да и здесь ответ простой – ни о каком. Сложил фразу как мог, и пошел дальше. Вот так рождаются и распространяются мифы.

Отметился с мифом про то, что мы произошли от неандертальцев, и многократно упомянутый в настоящей книге Д. Райх, генетик из Гарвардского университета. В его книге «Кто мы и откуда»²⁶ есть глава «Встречи с неандертальцами», эту главу можно было бы подробно разбирать, но результат будет тот же, что и при разборе других «широкогеномных» исследований древнего мира. Речь опять пошла бы о «расчетных моделях», с их приближениями и допущениями, а по сути с тем же гаданием на кофейной гуще. Придется повторить, что «геномная популяционная генетика» статуса науки пока далеко не достигла. Ограничусь одним

²⁵ Chen, L. Identifying and interpreting apparent Neanderthal ancestry in African individuals. Cell, 180, 677-687 (2020)

²⁶ Reich, D. Who We Are and How We Got Here. Pantheon Books, New York (2018)

примером, который тоже скажет всё о расчетах Райха, как и остальных «геномных попгенетиках», там разницы нет. Все главные «геномные попгенетики» мира вышли, так сказать, из шинели Райха.

Так вот, «расчеты» Райха привели к тому, что у современного человека есть «примесность» от неандертальца, в количестве 2-4%. Я из желания проверить заказал себе соответствующий «анализ», оказалось, у меня 2.6% неандертальца, ну и до кучи – 1.4% денисовца. Мы уже знаем, что неандерталец – не предок современных людей ни по Y-хромосоме, ни по мтДНК. Тогда что же такое «примесность»? Повторим другими словами, что это процент совпадения (или «похожести») генома неандертальца с геномом каждого из нас. Иначе говоря, эта «примесность» – продукт компьютерной обработки сотен тысяч и миллионов снипов с многими приближениями и допущениями, и несходимость сальдо-бульдо дает эти проценты. Формально.

Можно много размышлять, какой физический смысл этой несходимости, но толку от этого будет мало. Ну, так получилось при расчетах. Более интересно то, что, как пишет Райх, и это повторяют все попгенетики, что 2-4% – это для неафриканцев. А для африканцев там ноль. То есть никакой «примесности». Ну, так получилось при расчетах. Как так получилось, понимая, что предки современных людей разошлись с предками неандертальцев намного раньше, чем неафриканцы разошлись с африканцами, не очень понятно, но попгенетики пришли к общей идее, что неандертальцы передали ту «примесность» неафриканцам относительно недавно, а африканцам ничего не досталось.

Я не знаю, на кого эти байки рассчитаны. Эти байки очевидно исходят из того, что африканцы железным занавесом отделены от неафриканцев. А неандертальцы – снаружи занавеса. И все неафриканцы, которым от неандертальцев перепала «примесность» – тоже снаружи, и в Африку не заходят. Потому что если бы заходили, то ту «примесность» передали бы африканцам. А ее у африканцев нет, понимаете? Вот так Райх рисует себе древнюю историю. Как полная изоляция африканцев и неафриканцев.

Но история была не такой. У носителей R1b, например, «примесность» есть. Любой может проверить, заказав соответствующий анализ. Но штука в том, что носителей R1b в Африке видимо-невидимо, только в Камеруне и Чаде многие миллионы человек. Как и носителей других «неафриканских» гаплогрупп. Куда же они свою «примесность» в Африке дели? А Райх сыпет двумя категориями – «африканцы» и «неафриканцы». Вроде как те и другие гомогенны в своих пределах, то есть всего континента. Короче, так быть не может. Было много документированных прибытий «неафриканцев» в Африку, и они становились африканцами по месту жительства. У всех должны быть те «примесности», а получается, что нет.

Поэтому вместо того, чтобы рассуждать, как так получилось, что в Африке «примесности» нет, а вне Африки она есть, дам простой совет – не надо так рассуждать, не теряйте время. Дело гораздо проще – налицо системная ошибка, как сплошь и рядом в «геномной популяционной генетике». Все те «похожести» разных категорий, произвольное толкование компьютерных расчетов, серии приближений и допущений, искаженное «нормирование» данных и так далее, ведет к «кривым» результатам и систематическим ошибкам. Такая уж «геномная популяционная генетика» Райха.

Итак, от неандертальцев мы не произошли.

Предисловие к тому 3 книги «Происхождение славян». Том 3 – «Коллизии с историками»

Анатолий А. Клёсов

www.anatole-klyosov.com

Книга пока в печати.



Перед вами, читатель, третья книга из серии «ДНК-генеалогия славян». Первые две имели подзаголовки «Происхождение и история» и «Новые открытия». Подзаголовок этой, третьей, – «Коллизии с историками».

Эта коллизия, возникновение которой было неизбежным, касается не только происхождения славян. Хотя у российского читателя именно оно вызывает много вопросов, когда мы слушаем то, что нам говорят историки. И не только историки, но и лингвисты, и антропологи, и популяционные генетики. Любой, кто пытался хоть немного углубиться в историю славян, неизбежно увязал в трясине «академических» представлений о том, что они якобы появились только полторы тысячи лет назад, видимо, как-то из ниоткуда, и язык их возник тогда же. Причем многие историки и лингвисты утверждают, что это произошло в VI в. н. э., как будто языки могут «появиться» вот так, прямо в определенное

столетие. А другие историки и лингвисты, которые их поправляют, мол, это произошло не в VI в., а в V или VIII, когда появились и сами славяне, только ухудшают доверие к себе со стороны людей думающих, любознательных и оттого сомневающих. И если уходить в прошлое в поисках ответов на интересующие многих вопросы, то доверие к «официальным ученым» продолжает расшатываться все больше и больше. Вызывают неизбежное удивление агрессивно навязываемые представления о том, что наши предки вышли из Африки и вскоре их черная кожа побелела под воздействием солнечных лучей и соответствующей выработки витамина D. Те, кто пытаются найти, было ли такое доказано экспериментально, вскоре приходят к пониманию, что это никогда не было доказано, а утверждается просто «по понятиям», умозрительно.

То же и в отношении «прихода» славян с Запада. Начинаешь разбираться, как это показано, кем именно и когда, и видишь, что никогда, никем и никак, это просто «соображения», которые тянутся уже столетиями, со времен первых российских академиков шведского и немецкого закваса, а по сути, политические мифы. И сейчас, в наши дни, в академических журналах выходят статьи, где авторы, «академические археологи» в содружестве с популяционными генетиками, найдя скелетные остатки с гаплогруппой R1b-Z2103 в абашевской культуре с датировкой четыре тысячи лет назад, тут же пишут — «пришли с Запада», не понимая или не зная, что таких на Западе практически нет, это поволжская степная метка в ДНК тех же времен — пять тысяч лет назад. Но русские, славяне и их предки всегда были вторичными для «академических историков», первичный для них всегда Запад.

И буквально за что ни возьмется любознательный человек в отношении древнего мира, оказывается, что историки рассказывают ему «по понятиям», что буквально ни по одному вопросу у них нет консенсуса, хотя «консенсус» настойчиво провозглашается. На самом деле буквально вся историческая наука о древнем мире строится на «мнениях», а не на прямых доказательствах. Причем эти мнения всегда противоречат друг другу. Откройте «Википедию» на тему любой археологической культуры — там всегда набор противоречивых мнений. Попробуйте найти доказательства норманской теории, что якобы скандинавы — это «наше все», что это они создали древнерусский мир, это они принесли на Русь ремесла, военное дело, дипломатию, государственность. И не найдете. Это все «по понятиям», это интерпретации, причем буквально все русофобской направленности. Вам будут рассказывать, что скандинавов на Руси было видимо-невидимо, что в древних захоронениях найдено их множество, но не верьте, там тоже масса противоречивых наблюдений. Историки скажут, что древних ариев не было, был только их язык, да и то индоевропейский, а на ваш вопрос, мол, как же так, ведь в Сирии и Ираке три с лишним тысячелетия назад жили митаннийские

арии, вы об этом читали, вам ответят, что это все неизвестно, откуда пришли — неизвестно, куда делись — тоже неизвестно, и вообще арии — это лженаука, псевдонаука и фашизм.

И действительно, крыть вроде как нечем. Нет в современной исторической науке методологии, способной давать определенные ответы на большинство вопросов. Материальные признаки в захоронениях — это не ответы на вопросы, это только материальные признаки, их можно крутить как угодно. Не случайно в 1970-х гг. международное сообщество историков постановило не рассматривать концепции о миграциях людей и их направлениях на основе материальных признаков, потому что те предположения капитально дискредитировали науку, ведь «горшки — не люди», что знает каждый студент, который готовится стать историком.

Любой представитель естественно-научной школы не примет якобы «доказательства» о «происхождении анатомически современных людей» в Африке, строящиеся на том основании, что там «наибольшее генетическое разнообразие». Не примет, потому что такое положение относится только к замкнутым системам, а Африка — система открытая. Африка, как оказалось, всегда была проходным двором, а в проходном дворе всегда «наибольшее генетическое разнообразие». И действительно, не так давно появились данные о миграциях в Африку «со стороны», например, в Центральной Африке, в Камеруне и Чаде живут миллионы носителей гаплогруппы R1b, прибывшие из Европы много тысячелетий назад. Они, разумеется, вносят вклад в «генетическое разнообразие». При ближайшем рассмотрении в Африке не найдено ни одного племени без изрядной доли гаплогрупп неафриканского происхождения, «со стороны». По такой «логике» Нью-Йорк с его огромным генетическим разнообразием является прародиной человечества, анатомически современный человек, конечно же, вышел оттуда, из Нью-Йорка.

Поэтому, если говорить начистоту, дело не только в том, что у историков нет адекватных методологий, чтобы получать четкие ответы на поставленные вопросы, там явный недостаток критического мышления. Даже употребление выражения «альтернативная история» в качестве негативного показывает, что с мышлением в исторических науках немалая проблема, потому что все науки обязаны рассматривать альтернативные варианты объяснений и интерпретаций. Проблема не в том, что история альтернативная, так и должно быть, проблема в том, что многие положения и интерпретации в исторических науках не проходят должных обоснований, перекрестных проверок, альтернативных объяснений. Такие обоснования и перекрестные проверки отсекают не «альтернативную науку», а просто ненауку.

И в этой «парадигме» современных исторических наук, основанной на мнениях (причем, как правило, при приведении мнений не сообщается, на чем они основаны, как обоснованы, как перекрестно проверены), как в капле воды отразилось появление в научном поле ДНК-генеалогии с ее четким понятийным аппаратом, однозначно определяемыми мутациями в Y-хромосоме человека, причем мутациями двух видов — очень медленными, необратимыми, и более быстрыми, обратимыми, чьи скорости вполне строго анализируются с помощью соответствующего расчетного, математического аппарата. Казалось бы, вот она, новая и надежная методология, которую так ждали. Причем применимая и к нашим современникам, и к древним, ископаемым ДНК. Но вместо этого против ДНК-генеалогии были тут же выставлены инвективы «лженаука» и «псевдонаука». Тут же были созданы коллективы, призванные заклеить ДНК-генеалогию, не дать ей возможности даже показывать получаемые результаты.

Сложилась коллизия. То, что она сложилась с поп-генетиками, неудивительно. С их стороны это была борьба за выживание, за власть в современной клановой системе науки, если угодно, за непрозрачность в системе публикаций заведомо некорректных, ошибочных статей в научных журналах, за продолжение грантовых преференций. Но клановость — понятие широкое, оно включает срастание поп-генетиков и с представителями исторических наук. Если коллизия с поп-генетиками была бурной, с публикациями подметных писем (правда, в Сети, не то что раньше — напрямую Генеральному секретарю ЦК КПСС, измельчал ныне клеветник), то коллизия с историками была тихой, они пошли по пути молчания, «несознанки», за редким исключением. А те редкие исключения так и пишут в своих книгах: «без ДНК-генеалогии эта книга не появилась бы».

О коллизиях мы будем много говорить и в этой книге, отсюда ее подзаголовок. Причины коллизий с историками разнообразны. Одна — это инерционность мышления. Если в естественно-научной сфере мышление обычно гибкое, оно диктуется наличием экспериментальных фактов и квалифицированным обоснованием соответствующих трактовок, и при наличии новых фактов и приемлемой методологии их получения ученый легко адаптируется к новой картине мира, то в исторических науках так не принято. Ментальность не позволяет. А ментальность у историков формируется наличием мнений.

Для меня, представителя естественно-научной школы, было неожиданностью увидеть и осознать, что в научных статьях и книгах об исторических науках главным аргументом действительно является мнение. Научный текст практически всегда такой: «Иванов сказал то-то, Петров высказал такую-то гипотезу, по мнению Сидорова, то-то произошло так-то» и т. д. При этом практически никогда не сообщается,

на основании каких данных высказано то или иное мнение и выдвинута та или иная гипотеза и почему не эта гипотеза альтернативная, а именно та, Петрова. При недоуменных вопросах «а на основании каких конкретных данных высказано такое мнение, почему не сообщается?» ответ обычно такой: «У нас так не принято». Смотришь, какие все-таки данные там исходно были. Причем до них докопаться всегда непросто, они покрыты многослойными пересказами мнений, опять мнений, но когда докопался, то с удивлением видишь, что данных-то не было, было нечто с многими степенями свободы. Иначе говоря, можно было высказывать самые разные мнения, но высказано или подхвачено одно. И оно десятилетиями с тех пор доминирует в научной литературе. В естественно-научной сфере это немыслимо. Конечно, и там есть заблуждения, но они оперативно вскрываются.

Характерный пример: откуда в научной литературе принято, цитируется и пересказывается положение, что в ямной культуре говорили на индоевропейских языках (или языке, это в данном контексте не имеет значения)? А ведь это положение в ходу уже многие десятилетия. Его в 1960-х гг. высказала М. Гимбутас, и с тех пор это положение повторяется без сомнения в бесчисленных научных статьях. И что опять же характерно — никто не поясняет, на чем оно основано. Откуда этот язык там взялся, в ямной культуре, — опять никто не поясняет, кроме иногда общей фразы — «степное происхождение», фразы совершенно бессмысленной. Иногда указывают на закавказское происхождение, иногда — на балканское, но никого, видимо, не смущает, что одно противоречит другому.

Поскольку автор этой книги знает, что носители гаплогруппы R1b-Z2103 в ямной культуре исходно пришли из Южной Сибири, причем субклад, начиная с гаплогруппы R (у которой тоже много предшественников), менялся по цепочке

R-M207 > R1-M173 > R1b-M343 > L754 > L388 > P297 > M269 > L23 > Z2103,

причем носителя гаплогруппы R нашли тоже в Южной Сибири, у Байкала, с археологической датировкой 24 тысячи лет назад, то откуда же пришли индоевропейские (ИЕ) языки? Никаких данных об этом нет, но, судя по всему, историков это не озадачивает. Меня вот озадачивает, а их нет. И после поисков я нашел «ответ», который искал. Дал его Дэвид Энтони, известный археолог (кстати, последователь М. Гимбутас), в своей книге «Лошадь, колесо и язык» (Princeton University Press, 2007). Этот «ответ» предоставляет яркий пример того, как «мнение» заменяет у историков (и археолога, как в этом случае) факты. Оказывается, слово «колесо» было в древнем индоевропейском языке, и в ямной культуре тоже нашли колесо. Вуаля, в ямной культуре был индоевропейский язык. То, что в соседней фатьяновской культуре тоже нашли колесо, и не только

колесо, а целую повозку, Энтони в расчет не брал или предпочел не брать. Надо было поместить ИЕ языки в ямную культуру, что и заложило это «мнение» как якобы научное доказательство. А это в свою очередь потащило за собой искажение целого научного поля. То, что древний ИЕ язык был в фатьяновской культуре, а вовсе не в ямной, согласуется с тем, что в фатьяновской культуре (4900-4000 лет назад) нашли множество костных остатков с гаплогруппой R1a-Z645-Z93, и эта же гаплогруппа проходит по всей цепочке археологических культур на восток — через абашевскую, срубную, потаповскую, синташтинскую культуру и далее до высших каст Индии, в которых преобладает та же гаплогруппа R1a-Z645-Z93 с нижестоящими субкладами. Вот и связка фатьяновских R1a-Z645-Z93 и индийских R1a-Z645-Z93, а гаплогруппы R1b в Индии практически не найдено. Нет никакой связки ямной культуры с Индией. Нет никаких указаний на ИЕ языки в ямной культуре. Более того, практически нет потомков ямников в Центральной и Западной Европе. То есть версия об ИЕ языках в степях, об их переносе из ямной культуры в Европу, об их переносе в Индию — а иначе откуда там «индоевропейский» — разваливается на глазах.

Остановимся на этом чуть подробнее. Если носители фатьяновской археологической культуры на Русской равнине имели гаплогруппу R1a-Z645-Z93 и во время своего миграционного пути на восток образовали серию последующих археологических культур с гаплогруппами R1a-Z645-Z93 и последующих, нижестоящих субкладов-сипов, и на Южном Урале, в синташтинской культуре ее носители имели гаплогруппу (наряду с производными) R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-Z2123, и далее, уже в Индии, они имели R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-Z2123-Y934-Y934, и в Индии, как известно уже по меньшей мере 200 лет, сотни миллионов людей говорят на индоевропейских языках, то можно предполагать, что и в фатьяновской культуре почти 5000 лет назад тоже говорили на предковых индоевропейских языках. Как видите, чтобы сделать такое предположение, мы вышли за пределы археологии. Но этого мало, скажет оппонент, язык мог измениться или вообще потеряться на пути от фатьяновской культуры в Индию. И оппонент будет прав, если не будут предъявлены дополнительные независимые доказательства. И они были предъявлены — современный русский язык, половина носителей которого унаследовала гаплогруппу R1a-Z645 из фатьяновской культуры или родственных культур, например срубной, имеет базовую лексику, которая, по данным С. А. Старостина, на 54 % совпадает с базовой лексикой древнеиндийского языка²⁷. Так что, действительно, в данном случае язык сопровождал гаплогруппу, и наоборот, гаплогруппа сопровождала язык. Не была его причиной, а сопровождала. Как видите, археологические данные потребовали двойное доказательство — ДНК-генеалогии (молекулярной истории) и структурной лингвистики.

384384384384384

²⁷ Старостин С. А. Сравнительно-историческое языкознание и лексикостатистика. — М.: Препринт, 1982. С. 3–39.

Выше был впервые использован термин «снип». Это по сути дела перевод англоязычного сокращения SNP, что означает (опять в переводе) — однонуклеотидный полиморфизм. Если проще — это единичная (как правило) необратимая мутация, в нашем случае в Y-хромосоме, или мужской половой хромосоме. Снипы возникают в среднем раз в 144 года, если считать по фрагменту Y-хромосомы размером в 8,5 миллионов нуклеотидов. Если же считать по всей Y-хромосоме, то снипы возникают раз в поколение. Это позволяет проводить датировки событий, которые прослеживаются по Y-хромосоме. Эти датировки определяются весьма просто и вполне надежно — исследование нуклеотидной последовательности Y-хромосомы, так называемое секвенирование, позволяет определить, сколько снип-мутаций отделяет искомый снип (например, Z280, или M458, которые мы будем упоминать в этой книге время от времени, или любой другой) от настоящего времени. Снип-мутации — повторяем, это необратимые мутации в Y-хромосоме (в данном случае, потому что при желании можно рассматривать и другие хромосомы ДНК), продукты ошибок при копировании Y-хромосомы от отца к сыну в ядре клетки человеческого организма, где плотно уложена ДНК. Поскольку снип R1a-Z280 (восточные славяне и их прямые предки), например, образовался 34 снип-мутации от настоящего времени, то это составляет $34 \times 144 = 4896$ лет назад. Снип R1a-M458 (западные славяне и их прямые предки) образовался 35 снип-мутаций назад, то есть примерно 5000 лет назад. Коллектив YFull, составивший подробные списки для десятков тысяч снипов²⁸, датирует оба этих снипа временем 5000 лет назад, как и снип R1a-Z93. Правда, не поясняет, как это снип Z93, который по мутациям образовался 4300 лет назад, вдруг оказался в их списке как образовавшийся 5000 лет назад. Но для нас сейчас это неважно, мы рассчитываем датировки по числу снипов.

Теперь вернемся к Дэвиду Энтони и процитируем его упомянутую выше книгу, которая к настоящему времени набрала 2768 ссылок в научной печати. На первых ее страницах Энтони обещает: «Эта книга доказывает, что теперь возможно решить центральную загадку протоиндоевропейского языка, а именно, кто на нем говорил, где говорил и когда». И в книге автор блистательно провалился, поместив «прародину» индоевропейского языка в ямную культуру, или в степи, если более уклончиво, как он формулирует на других страницах книги. Цитата: «Я верю, как и многие другие, что родина протоиндоевропейских языков размещалась в степях к северу от Черного и Каспийского морей, там, где сейчас южные Украина и Россия». И далее — «Ситуация со степной прародиной сегодня имеет более прочные основания, чем это было в прошлом, благодаря драматическим открытиям в археологии в степях». И с тех пор уже полтора десятка лет Энтони продолжает публиковать научные статьи, в которых, образно говоря, продолжает

385385385385385

²⁸ <https://www.yfull.com/tree/>

пинать дохлую лошадь. Увлеченность для ученого без критического анализа данных — это путь к провалу. Так и получилось.

Итак, мы остановились на некоторых причинах коллизий с историками, важнейшими из которых является пристрастие историков к мнениям без анализа того, на чем те мнения основаны, и консервативность мышления, когда историки упорно держатся за мнения, которые давно уже признаны ошибочными и недостоверными. Но это мнения «авторитетов», и во многих историках прочно сидит боязливость, или неуверенность, или «корпоративная солидарность», называть можно по-разному, но без указания свыше историк от тех мнений не откажется. Так спокойнее. Это благодатная почва для коллизий с теми, кто приводит свои экспериментальные данные и их интерпретации, вплоть до обвинений их в лженауке и псевдонауке. При этом, что показательно, никаких доказательств того, что это лженаука или псевдонаука, не приводится. Это просто ярлык. Так тоже спокойнее. Примеров таких коллизий в этой книге будет много.

Коллизии бывают открытыми, или громкими, и тихими. Открытые сопровождаются обвинениями в лженауке, но, повторяю, без пояснений, почему «лже» и как на самом деле надо. «Как надо» уже не получается, потому что как надо — ортодоксу неизвестно, а то, что было, — уже раскритиковано, причем явно обоснованно. Открытая коллизия — это попытка дискредитации оппонента, если, конечно, получится. Тихая коллизия — это просто игнорирование под лозунгом «авось рассосется». Это тоже обычное дело в исторических науках, как, впрочем, и других гуманитарных. В естественных науках игнорирование долго не держится, мышление там более гибкое и конструктивное.

Еще пример: положение о геноциде эрбинами (древними носителями гаплогруппы R1b) европейского коренного, или автохтонного, населения, существует уже более десяти лет, но историческая наука его не принимает. Да и как можно принять, помилуйте, ведь 60 % мужского населения современной Центральной и Западной Европы — прямые потомки тех эрбинов, которые уничтожили «старую Европу». Когда супостатами были безликие «индоевропейцы», как их определила М. Гимбутас, это было приемлемо, потому что безадресно. А сейчас — конкретно, это предки современных «просвещенных европейцев», «европейского сада», по выражению Жозепа Борреля, бывшего верховного представителя ЕС по иностранным делам и политике безопасности. Как можно? Так что все эти десять лет историки про древний геноцид или ни слова, или пытаются возражать, например, что никаких объективных данных на этот счет нет, например, нет массовых захоронений жертв этого якобы геноцида. При этом, когда в Швеции были найдены массовые захоронения и соответствующая археологическая культура была названа «культурой разбитых (или

раздробленных) черепов» (crushed skulls culture, причем характерно, что многие находки выявили раздробленные черепа женщин и детей²⁹), соответствующая статья была изъята из англоязычной «Википедии». Когда было показано, что в «старой Европе» действительно пропали носители многих гаплогрупп, было выдвинуто «объяснение», что они погибли от чумы или других эпидемий. Того, что мужчины погибли, а женщины остались, никто и объяснять не стал, как и того, что погибли носители всех гаплогрупп, кроме R1b. Выходит, целая серия гаплогрупп в Европе прошла «бутылочное горлышко выживания», с датировками выхода из «бутылочного горлышка» от 3700 до 2200 лет назад (примеры первой — I1a и E1b-V13, пример второй — I2a-Y3120); в случае I1a уничтожение носителей гаплогруппы было настолько жестким, что снип-мутации в этой линии пропали ранее чем 4600 лет назад, в классификации снипов на месте пропавших — провал на тысячелетия. Но обсуждать в научной литературе это неприлично, видимо, неполиткорректно. Иначе придется задуматься, как этот «европейский сад» — по Боррелю — создавался.

В этой книге примеров коллизий с историческими науками будет много. Опять подчеркнем, это не те коллизии, по которым проходят плебисциты, созываются конференции, ломаются копья. Это коллизии тихие, которые у историков уходят как в вату. Никто ничего не противопоставляет и противопоставить не может. Нет у историков методологии противопоставления, мнениями здесь не отделаться, а другого ничего нет. Материальные признаки мы ведь не оспариваем. Проблема у историков не с ними, а с аналитикой. Вот аналитику мы и дадим в обилии в этой книге.

Теперь о ее главах. Происхождение славян — один из самых сложных и запутанных вопросов современной исторической науки. Правда, современная историческая наука и современная лингвистика приложили немало сил, чтобы сделать его таким. В научной литературе практически нет даже вариаций определения славян, а то, что есть, базируется только на лингвистических понятиях. Для настоящего времени это подходит, проблем нет. Славяне сейчас — это те, кто говорят на языках славянской группы. Но как только мы уходим вглубь веков и тысячелетий, то это определение ломается. Его поддерживают в исторических науках и лингвистике тем, что не уходят глубже середины 1-го тысячелетия н. э. Но как только мы приводим данные, что современный русский (славянский) язык по своей базовой лексике на 54 % (по данным С. А. Старостина) совпадает с древнеиндийским языком, то получается, что еще 4500 лет назад праславянский язык (назовем его так) в значительной степени совпадал с арийским. Между ними нет «перелома», есть лексикостатистическая динамика перехода.

387387387387387

²⁹ Lindqvist, 1992, 1993, 1994, 1997, 1998.

Поэтому, говоря о происхождении славян, вполне позволительно и даже обязательно уходить на тысячелетия вглубь. Надо просто договариваться о терминах, применимых к тому времени. Кроме того, позволительно и обязательно, если мы говорим о науке, уходить и далее, на многие тысячелетия и десятки тысяч лет вглубь, не для того, чтобы помещать туда славян, но для того, чтобы понять, кто были их предки и откуда те предки вышли. Так что эту книгу мы начинаем с событий, происходивших примерно 5000 лет назад, и затем рассматриваем теорию о выходе «анатомически современных людей» из Африки, привлекая данные ДНК-генеалогии, рассказываем о том, как ДНК-генеалогия представляет последующие времена: мезолит, неолит, и доходим до наших времен.

Поскольку сейчас активно публикуются статьи в области «геномной популяционной генетики» с последующим выходом на историю славян, в том числе с позиций норманской теории, мы рассматриваем и тот вопрос, в какой степени подходам «геномной поп-генетики» можно доверять (скорее, не доверять), и подробно аргументируем нашу позицию. Мы руководствуемся золотым правилом науки: экстраординарные выводы требуют экстраординарных доказательств и обоснований, — поэтому выстраиваем систему доказательств и обоснований на многих примерах.

Далее, поскольку ДНК-генеалогия привлекает внимание многих миллионов людей, что следует из миллионов просмотров видеопередач о ДНК-генеалогии, и множество людей читают книги по ДНК-генеалогии, в том числе ДНК-генеалогии славян, то мы уделяем в этой книге внимание комментариям, которые оставляют читатели и зрители. Их комментарии зачастую отражают форменную кашу в головах комментаторов, поэтому мы в меру возможностей попытаемся вместо этой каши предложить знание. Это в полной мере касается и вопросов происхождения славян и их истории. Иначе говоря, мы подходим к этим вопросам многопланово, повторение ведь действительно мать учения. Особенно если есть возможность посмотреть на материал под разными углами.

Надо сказать, что читать комментарии под своими видеороликами — дело довольно бессмысленное. Комментарии можно разделить на несколько категорий. Первая — положительные комментарии, порой даже восторженные, таким авторам я благодарен, они со мной на «одной волне». Анализировать подобные комментарии нет необходимости. Вторая — те, в которых зрители задают вопросы и высказывают свои соображения. Эти комментарии в целом полезны: читая их, понимаешь, что основные или второстепенные идеи и результаты исследований зрителям пока не известны, поэтому придется повторять их опять и опять

в последующих выступлениях. Третья — это комментарии откровенных неадекватов, с попытками оскорблений и без какого-либо конструктива. «Неадекваты» в моем лексиконе — это те, которые не понимают, что общаются с профессионалом. Профессионал — это тот, кто много часов в день работает по своему предмету исследований, знает литературу, пишет научные и популярные статьи и книги и в целом знает свое направление вдоль и поперек. Он может ошибаться, но его ошибки тоже профессиональные. Те, кто пытаются его оскорбить, не знают и малой доли того, они что-то где-то услышали или прочитали, причем всегда не из научных источников, или вообще не читали, но у них «свое мнение», которое непонятно каким образом сформировалось.

У меня более 270 видеороликов³⁰, и на основании этого опыта я заранее знаю, какие вопросы задают те, кто интересуется моим предметом, и что напишут неадекваты.

И тем не менее некоторые комментарии к видеороликам полезны с необычной стороны — когда на них смотришь не «индивидуально», а «статистически». В этой книге я как раз с этой необычной стороны на них и посмотрю. В мае 2024 г. в Москве я принял приглашение выступить в паре с моим давним знакомым Андреем Ильичом Фурсовым на тему ДНК-генеалогии и ее некоторых достижений, ломающих построения историков. Или не ломающих, а заполняющих лакуны, пробелы в знаниях, которые историки оставили по причине отсутствия соответствующей методологии. Ну как историки могут знать, к какому роду относятся айны? Или кто такие по происхождению этрусски? Или кто такие были насельники ямной культуры? Все, что историки могут, — это цитировать Геродота, который, по словам его современников, «рассказывал обо всем, что услышал». Можно привести сотни и тысячи вопросов, ответить на которые историки бессильны. Но они путем проб и ошибок, не зная, где ошибки, а где нет, слепили некую парадигму, то есть свод своих представлений, где консенсуса нет практически ни по одному вопросу, и рьяно эту парадигму отстаивают. Они особенно рьяны, когда их парадигма или ее отдельные фрагменты подвергаются сомнению теми, кого они считают «неспециалистами». Неспециалисты, по их мнению, это те, которые не имеют базового исторического образования. Но ирония в том, что «специалистов» в ходе базового исторического образования натаскивают на ту самую парадигму, выхолащивая их способность мыслить вне ее.

Драма, или даже трагедия, такой ментальности историков в том, что неспециалистами они считают в том числе тех специалистов, профессионалов смежных дисциплин, кто работает на стыке наук, в том числе с науками историческими. Когда профессионалы поддерживают парадигму, а это удобно и бесконфликтно для обеих сторон, для

389389389389389

³⁰ <https://www.anatole-klyosov.com/>

историков они «свои». Когда же специалисты на стыке наук выявляют пробелы, ошибки и искажения в парадигме, историков это бесит, специалисты сразу становятся «псевдоучеными» и «лжеучеными». Большого вреда для науки, чем тот, который наносят такие историки, придумать невозможно.

Этому было посвящено наше совместное с А. И. Фурсовым³¹ выступление. Андрей Ильич сделал прекрасный доклад, чем задал тон и моей лекции. Получилось удачно, потому что всего за две недели видеоролик с записью наших выступлений набрал в интернете более 300 тысяч просмотров. Всего же просмотров ко времени написания этой книги было 560 тысяч, и к ролику поступило более 3000 комментариев. Как всегда, комментарии разошлись по всем трем описанным категориям, но интересно посмотреть, какие комментарии получили наибольшее количество лайков. И мы видим, что комментариев неадекватов среди таких нет. Как, впрочем, и можно было предсказать. О коллизии с историками в нашей передаче речь также шла, и этот материал тоже стал частью настоящей книги.

Как все это получилось — судить вам, читатели. Книга перед вами

Вехи истории

Участие носителей Y-хромосомной гаплогруппы F и её потомков в создании древнейших культур Homo sapiens и Homo sapiens sapiens Европы, включая Русскую равнину

И.Г. Наумова

Ключевые слова: носители Y-хромосомной гаплогруппы F и её потомки, Homo sapiens, богунийская культура, протоориньякские культуры, культура ориньяк, культуры Восточный и Западный граветт, Homo sapiens sapiens.

Цель: попытка воспроизвести древнейшую историю Русской равнины.

Введение

Находки ископаемых образцов времён палеолита малочисленны и многочисленными уже не будут, так как время не пощадило их. По этой причине необходимо использовать те данные, которые имеются в наличии, иначе невозможно будет узнать о далёком прошлом Русской равнины. О важности ископаемых ДНК А.А. Клёсов пишет следующее: *«Ископаемые ДНК крайне важны для изучения древней истории человека, поскольку дают непосредственную привязку гаплогрупп, субкладов, гаплотипов к территории и времени»*.³²

К сожалению, на Русской равнине определение Y-хромосомных гаплогрупп ископаемых образцов целенаправленно не ведётся. При этом российские учёные участвуют в работах на прилегающих к России недружественных территориях, где определение Y-хромосомных гаплогрупп ископаемых образцов ведётся Западом в полном объёме. Данные по носителям Y-хромосомных гаплогрупп зарубежные исследователи помещают в таблицу в конце статей и не используют по назначению. Выводы, которые делают западные исследователи относительно Русской равнины, могут противоречить действительности, искажая нашу древнейшую историю.

391391391391391_____

³²Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. С. 15.

А.А. Клёсов предлагает использовать расчётные данные ДНК – генеалогии в интерпретации древнейшей истории Русской равнины, а также миграций, используя данные о носителях Y-хромосомных гаплогрупп.

Российские популяционисты в течение многих лет пытаются препятствовать работе А.А. Клёсова. При этом они прекрасно осведомлены о том, что расчёты и методы А.А. Клёсова не вызывают сомнений научного сообщества на Западе. В чём же причина подобных нападок здесь, в России? Всё дело в том, что превалируют «*Финансовые интересы: гранты, карьеры и публикации*». ³³ Об этом А.А. Клёсов пишет в своей статье, называя российских популяционистов поимённо. ³⁴ При этом РАН безмолвствует.

Западу не нужна правда о древнейших культурах и древнейшем населении Восточной Европы и Русской равнины. Они во все тысячелетия хотят видеть себя «оазисом и цветущим садом», а остальных стараются представить «джунглями». По этой причине необходимо воспроизвести древнейшую историю Восточной Европы, в том числе, Русской равнины, используя самые передовые на сегодняшний день методы ДНК – генеалогии А.А. Клёсова.

Основная часть.

Глава 1. Самые ранние ископаемые образцы Homo sapiens в Восточной Европе.

§1. Потомки носителей Y-хромосомной гаплогруппы CF.

А.А. Клёсов, рассматривая древнейшие снип-мутации ископаемого образца Костёнок 14 (Маркина гора) делает следующее предположение: «*Из этого рассмотрения можно сделать предварительное заключение, или, скорее, предположение, что современные Костенки могут находиться относительно близко к региону появления первых гаплогрупп неафриканцев после предполагаемой глобальной катастрофы 60–70 тысяч лет назад. Гаплогруппы В и С появились почти сразу (в историческом масштабе времени) после прохождения бутылочного горлышка популяции ...примерно 60–65 тысяч лет назад. И именно ранний субклад гаплогруппы С оказался у «костенковца».*» ³⁵

(Прим. редактора: Согласно последним данным, снип костенковца (Костенки 14) – последний в этой цепочке:

392392392392392_____

³³Клёсов А.А. Опять популяционисты и опять о «выходе анатомически современного человека из Африки». // Вестник Академии ДНК – генеалогии №8, август 2025. С. 1080.

³⁴Клёсов А.А. Последние исследования лингвистов и популяционных генетиков (!) о прародине «индоевропейского» языка. // Вестник Академии ДНК – генеалогии № 10, октябрь 2025. С. 1457.

³⁵Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. С. 69.

C-M130 > F3393 > F1370 > K281 > Z33130*

Он образовался 323 снип-мутаций, то есть примерно 46 500 лет назад. Датировку самого образца YFull сообщают как 35200±500 лет назад, хотя другие опубликованные датировки давали 42-39 тысяч лет назад).

Не менее важен тот факт, что найденный в Костёнках 14 носитель Y- хромосомной гаплогруппы C, имеющий древнейшие снип-мутации, свидетельствует о том, что незадолго до этого гаплогруппа C отделилась от сводной гаплогруппы CF.

(Прим. редактора: время образования гаплогруппы C датируется примерно 64000±6000 лет назад по мутациям в гаплотипах, или 405 снип-мутаций, то есть 58 тысяч лет назад по числу снип-мутаций со времени образования гаплогруппы C, или 65900±3200 лет назад по данным, приводимым группой YFull³⁶. Для сравнения, самый древний ископаемый образец ДНК, имеющий снип-мутации гаплогруппы C, найден в Бачо-Киро (Болгария) с археологической датировкой 46 790 – 41 830 лет назад. Цепочка снип-мутаций в этом образце следующая:

C-M216 > C1-F3393 > C1b-F1370 > C1b1-K281 > FT409300 (Бачо-Киро)

Носитель Y- хромосомной гаплогруппы костенковца мог принадлежать к богунийской культуре (это самая ранняя культура Homo sapiens Европы).³⁷ На территории богунийской культуры Бачо-Киро найдены самые ранние носители Y- хромосомной гаплогруппы **F(F-M89)**³⁸, совпадающие с ней по времени существования. Это самая ранняя гаплогруппа, отделившаяся от сводной гаплогруппы CF.

Необходимо отметить: на данном этапе развития науки существование первой культуры Homo sapiens В. и Ю.-В. Европы рассматривается как свершившийся факт (при наличии различных гипотез её появления).

Глава 2. Богунийская культура. Время существования богунийской культуры. Y-хромосомная гаплогруппа F возможных основателей богунийской культуры и её потомки.

393393393393393

³⁶ <http://www.yfull.com/tree/C/>

³⁷ Наумова И.Г. Вехи истории. Участие Y - хромосомной гаплогруппы C в создании древнейших культур Homo sapiens и Hom³⁷o sapiens sapiens Европы, включая Русскую равнину. // Вестник Академии ДНК – генеалогии №10, октябрь 2025. С. 1507.

³⁸ Mateja Hajdinjak et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. Nature 592,253-257, 2021.

§1. Богунийская культура – первая культура *Homo sapiens* В. и Ю.-В. Европы, включая Н. Австрию.

Богунийская культура рассмотрена в предыдущей статье Н.И.Г.³⁹ Существование богунийской культуры (≈ 48 000-40 000 л. н.) связано не только с Y - хромосомной гаплогруппой С, но и с Y-хромосомной гаплогруппой F, см. ниже. От Y-хромосомной гаплогруппы F* (мегагруппа GHIJK-M3658) происходит большинство других гаплогрупп, в общей сложности охватывающих порядка 90 % современного мужского населения планеты.

§2. Ископаемые образцы Бачо-Киро - носители Y-хромосомной гаплогруппы F(F-M89) на территории богунийской культуры Бачо-Киро.

Данные компании YFull по Y-хромосомной гаплогруппы F: formed 65900 ybp⁴⁰

У образца Бачо-Киро F6-620 Болгарии возрастом 44 180 – 42 450 лет до н. э. генетики определили Y-хромосомную гаплогруппу F(F-M89)⁴¹. Это одна из самых ранних гаплогрупп, отделившаяся от сводной гаплогруппы CF. Возраст образца Бачо-Киро F6-620 (44 180 – 42 450 лет до н. э.) входит в период существования богунийской культуры Бачо-Киро (≈ 48 000 – 40 000 л. н.). Ископаемые образцы Бачо Киро и богунийская культура Бачо-Киро рассматриваются исследователями отдельно. По этой причине считается, что богунийская культура не имеет ископаемых останков.

Образец Бачо-Киро F6-620 должен быть однозначно отнесён к *Homo sapiens*, поскольку исследователями «Пока не обнаружено интрогрессии в обратном направлении, т.е. вклада кроманьонцев в геномы неандертальцев и денисовцев».⁴² Т.е. неандертальцы не могли иметь никаких, даже самых малых признаков *Homo sapiens*. Это относится ко всем ископаемым останкам богунийской культуры.

Богунийская индустрия считается «переходной» между предшествующей среднепалеолитической мустьерской индустрией и последующими верхнепалеолитическими индустриями. До того как появился *Homo sapiens*, его предки прошли все стадии развития каменной индустрии: олдувай, ашель, переходные культуры между ашеллем и мустье (тейяк, микок, эвенос, премустье).

394394394394394

³⁹Наумова И.Г. Вехи истории. Участие носителей Y - хромосомной гаплогруппы С в создании древнейших культур *Homo sapiens* и *Homo sapiens sapiens* Европы, включая Русскую равнину. // Вестник Академии ДНК – генеалогии. М., №10, октябрь 2025. С. 1514-1515.

⁴⁰https://www.yfull.com/tree/F*/

⁴¹Mateja Hajdinjak et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. Nature 592,253-257, 2021.

⁴²Гельфанд М. С. Геном неандертальца: открытые вопросы. Природа 2016.№1. С. 27 – 35.

Далее идёт типологически неоднородная культура мустье. Неоднородность культуры может быть связана с различными видами палеоантропов, в том числе, с ветвью *Homo sapiens*.

Все «переходные, смешанные» культуры, в которых археологи наблюдают как среднепалеолитические индустрии, так и зачатки верхнепалеолитических индустрий, должны быть отнесены к культурам *Homo sapiens*, поскольку неандертальцы в становлении верхнепалеолитических индустрий не участвовали.

Выводы

1. На территории богунийской культуры найден самый ранний носитель Y-хромосомной гаплогруппы **F(F-M89)**⁴³. Это одна из самых ранних гаплогрупп, отделившихся от сводной гаплогруппы CF.

2. Велика вероятность того, что носители Y-хромосомной гаплогруппы F Бачо-Киро участвовали в создании богунийской культуры *Homo sapiens* Бачо-Киро, поскольку других культур *Homo sapiens* Восточной Европы в это время ещё не существовало.

§3. Носители Y-хромосомной гаплогруппы F культуры протоориньяк.

По всей видимости, Богунийская культура не исчезла. Возможно, небольшая часть особей смогла сохраниться в пещерах Крыма и др.

Эндрю Беннетт (Andrew Bennett) из Института палеонтологии позвоночных и палеоантропологии Китайской академии наук совместно с учеными из Украины и Франции исследовал два фрагмента черепов (BuKa3A и BuKa3C), найденных на крымской стоянке Буран-Кая III в 2009 году. Радиоуглеродный анализ показал, что возраст образца BuKa3C составляет **36245–37415** лет. По мужской линии индивид BuKa3C принадлежал к базальной ветви гаплогруппы F, которую ранее определили у мужчин из болгарской пещеры Бачо-Киро.⁴⁴ Синицын А.А. относит культуру Буран-Кая III (слой C) к протоориньяку⁴⁵, археологи к селетоидным слоям.

Вишняцкий Л.Б. подробно рассматривает пространственное и хронологическое распространение мустьерского технокомплекса и

395395395395395

⁴³Mateja Hajdinjak et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. Nature 592,253-257, 2021.

⁴⁴Andrew Bennett et al. // Nature Ecology & Evolution, 2023
<https://www.nature.com/articles/s41559-023-02211-9>

⁴⁵Синицын А.А. Доориньякский пласт верхнего палеолита Восточной Европы: хронология, варибельность и культурогенез. Институт истории материальной культуры РАН. С.-П. С. 82-83. <https://doi.org/10.25681/IARAS.2020.978-5-94375-305-3.82-83>

микокского технокомплекса в среднем палеолите.⁴⁶ Учёный придерживается гипотезы, согласно которой различия между двумя технокомплексами имели скорее функциональную, чем культурно-генетическую (разность происхождения и традиций) природу, будучи результатом приспособления одного и того же населения к разным условиям (свою интерпретацию он не считает единственно возможной).

В Буран-Кая III таким условием могло быть сырьё: *«Наиболее характерная для слоя С форма сырья – тонкие кремневые плитки (plaquettes), которые встречаются в 25 км от памятника. ...Возможно, именно тонкостью приносимых на стоянку плиток и галек, затруднявшей и делавшей малопродуктивным применение традиционных методов эксплуатации ядрищ, объясняется тот факт, что расщепление было почти исключительно бифасиальным, и по существу, все обнаруженные заготовки, как с ретушью, так и без нее, являются результатом двустороннего скалывания»*.⁴⁷

Возможно, такими условиями могли быть и холодные периоды (до максимума оледенения), так как сам микок появился во времена Рисского похолодания.

Богунийская культура начального верхнего палеолита связана с леваллуа-мустье, селет – с микоком. Различия могли быть результатом приспособления одного и того же населения к разным условиям. Возможное наличие носителей одной и той же Y-хромосомной гаплогруппы F в богунийской культуре Бачо-Киро и селетоидных слоях Буран-Кая III может подтвердить гипотезу Вишняцкого Л.Б.

Что касается ближайших предков Homo sapiens, то их, возможно, надо искать среди грацильных особей времён неандертальцев Европы.

Вывод

Носители Y-хромосомной гаплогруппы F богунийской культуры, не получившие последующих мутаций, при начавшемся похолодании могли сохраниться в пещерах Крыма (Буран-Кая III), а также участвовать в создании следующих за богунийской культур Homo sapiens В. и Ю.-В. Европы.

396396396396396

⁴⁶Вишняцкий Л.Б. О пространственном и хронологическом соотношении мустье и микока в Восточной Европе // Camera praehistorica. 2023. № 2 (11). С. 8-19. <https://cyberleninka.ru/article/n/o-prostranstvennom-i-hronologicheskom-sootnoshenii-mustie-i-mikoka-v-vostochnoy-evrope?ysclid=mii4ibc1uu302156565>

⁴⁷Маркс Э.Е. Монигал К. Конец среднего и начало верхнего палеолита в Крыму в свете материалов стоянки Буран-Кая III. 2000 г. <https://cyberleninka.ru/article/n/konets-srednego-i-nachalo-verhnego-paleolita-v-krymu-v-svete-materialov-stoyanki-buran-kaya-iii/viewer>

§4. Носители Y-хромосомной гаплогруппы F культуры граветт.

Исследователи связывают находки Буран-Кая III с населением **граветта**, которые жили спустя несколько тысяч лет после людей из стоянки Буран-Кая III.⁴⁸ Это может означать создание граветта **потомками** обитателей Буран-Кая-III с Y-хромосомной гаплогруппой F. Ископаемые останки в граветте Буран-Кая III пока не найдены. Однако сама граветтская культура Буран-Кая III определяется нижней хронологической границей граветта Восточной Европы – датировки для слоя 6-1 Буран-Кая III: **31900±240/220 (GrA-37938) 31320±820 (GifA-10021/SacA-19018)**.⁴⁹

Y-хромосомная гаплогруппа F обнаружена у образца Vestonice 43, возрастом около **30 тыс. л. н.** (Дольни-Вестонице, Чехия, **Восточный граветт**).⁵⁰ **Возможно, данный носитель** Y-хромосомной гаплогруппы F не получил последующих мутаций.

Появление множества протоориньякских культур может быть связано с мегагруппой GHIJK, вышедшей из «бутылочного гольщика» выживания. Y-хромосомная гаплогруппа F дала начало Y-хромосомным гаплогруппам: G, H, I, J и гаплогруппе K с потомками – L, M, N, O, Q, R, S и T.⁵¹

То, что Y-хромосомная гаплогруппа F присутствовала на Русской равнине, начиная с палеолита, подтверждается данными А.А. Клёсова о современном населении России: «В 2008 году была проведена выборка 545 гаплотипов центральной части России, и среди них оказались шесть гаплотипов гаплогруппы F. Это – по одному из областей Брянской, Липецкой, Пензенской, Тамбовской, Тверской, и Смоленской. Гаплотипы в 17-маркерном формате приведены ниже, и там же приведен расчет времени жизни общего предка этой небольшой серии гаплотипов, округленно 13100 ± 2300 лет назад. ...Важно то, что общий предок гаплогруппы F этнических русских представлял, видимо, коренное население Русской равнины того времени, а время – завершающая стадия большого ледникового периода».⁵²

Расчёты А.А. Клёсова показывают, что носители Y-хромосомной гаплогруппы F проживали на Русской равнине после максимума оледенения (13100 ± 2300 л. н.).

397397397397397

⁴⁸Andrew Bennett et al // Nature Ecology & Evolution, 2023

<https://www.nature.com/articles/s41559-023-02211-9>

⁴⁹Prat et al. The oldest Anatomically Modern Humans from Far Southeast Europe: direct dating, culture and behavior // PLoS ONE. Vol. 6, issue 6. San Francisco, Cambridge, 2011.

⁵⁰Qiaomei Fu et al. The genetic history of Ice Age Europe. 2016.

⁵¹Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. С. 29.

⁵²Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. С. 27.

Выводы

1. Y-хромосомная гаплогруппа F обнаружена у образца Vestonice 43, возрастом около 30 тыс. л. н. (Дольни-Вестонице, Чехия, Восточный граветт).

2. Потомки Y-хромосомной гаплогруппы F, пережившие максимум Валдайского (Вюрмского, Вислинского) оледенения в культуре граветт, могли остаться в Европе или же расселиться на другие территории, будучи уже Homo sapiens sapiens. Вместе со своими потомками максимум оледенения могли пережить и носители Y-хромосомной гаплогруппы F, не получившие последующих мутаций.

3. Расчётные данные А.А. Клёсова для российской науки очень важны. Они позволяют говорить о том, что носители Y-хромосомной гаплогруппы F на территории России существовали после максимума последнего оледенения (13100 ± 2300 л. н.).

§5. Потомки Y-хромосомной гаплогруппы F.

*«С чисто патриархальной точки зрения, основанной на Y-хромосоме, можно предположить, что гаплогруппа C1a2, F и K2a являются самыми древними в Европе. Они были обнаружены в некоторых из самых древних человеческих останков. Однако другие гаплогруппы гораздо более распространены среди современных европейских мужчин из-за более поздних демографических изменений».*⁵³ Выд. Н.И.Г.

Рассмотрим носителей тех Y-хромосомных гаплогрупп, потомков Y-хромосомной гаплогруппы F, которые могли быть дальними предшественниками современного населения В. и Ю.-В. Европы, включая Русскую равнину.

GHIJK — основная клада Y-хромосомной гаплогруппы F (F-M89) Homo sapiens. Впоследствии она разветвляется на два прямых потомка: Y-хромосомную гаплогруппу G и Y-хромосомную гаплогруппу HIJK. Данные компании Y-Full по Y-хромосомной гаплогруппе GHIJK: formed **65900** ybp⁵⁴ Макрогаплогруппа GHIJK, и ее субклады составляют подавляющее большинство мужского населения мира.⁵⁵ Базальная парагруппа GHIJK* **не была обнаружена** у живых мужчин или в древних останках.⁵⁶

398398398398398

⁵³https://translated.turbopages.org/proxy_u/en-ru.ru.5b14dd92-68562721-ba9f8c9b-74722d776562/https/en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_GHIJK

⁵⁴<https://www.yfull.com/tree/F/>

⁵⁵The Tree Encyclopedia https://translated.turbopages.org/proxy_u/en-ru.ru.8bb7f0e2-68563386-5fe7fa05-74722d776562/https/en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_IJK

⁵⁶Там же.

НІJK является гаплогруппой Y-хромосомы человека. Гаплогруппа НІJK и ее субклады составляют подавляющее большинство мужского населения мира. Данные компании Y-Full по гаплогруппе НІJK: formed **48500** ybp⁵⁷
Не была обнаружена у живых мужчин или в древних останках.⁵⁸

IJK – это гаплогруппа ДНК Y-хромосомы человека. IJK является основной ветвью макрогаплогруппы НІJK. Данные компании Y-Full по гаплогруппе IJK: formed **48500** ybp⁵⁹

Фу и др. (июнь 2016) исследовали останки четырнадцати представителей культуры **граветт**. У представителя граветтской культуры из Дольни-Вестонице, жившего около **31000** л. н., была определена Y-хромосомная гаплогруппа **IJK**.⁶⁰ Судя по времени существования, найденный ископаемый образец не получил последующих мутаций.

Гаплогруппа ДНК Y-хромосомы человека **IJK**, в свою очередь, разделилась на **IJ** и **K**.

IJ - это гаплогруппа ДНК Y-хромосомы человека. Данные компании Y-Full по гаплогруппе **IJ**: formed **47200** ybp⁶¹. Живые примеры Y-хромосомной гаплогруппы **IJ*** были найдены только в Иране, среди Мазандарани и этнических персов из Фарса.⁶²

Современные носители Y-хромосомной гаплогруппы **IJ*** не могут указывать на место их образования. Они могли пережить ледниковый максимум только в культуре граветт Европы вместе с особями, которые уже получили последующие мутации. Т. к. только после максимума оледенения они могли стать *Homo sapiens sapiens* и мигрировать в Иран, имея Y-хромосомную гаплогруппу **IJ***.

Y-хромосомная гаплогруппа **K** - супергаплогруппа⁶³, которая в конечном счёте является предком основных гаплогрупп **M, N, O, P, Q, R, S, L, и T**, т. е. включает в себя большую часть мужского населения мира. Данные компании Y-Full по гаплогруппе **K**: formed **47200** ybp⁶⁴.

399399399399399399

⁵⁷<https://www.yfull.com/tree/NIJK/>

⁵⁸The Tree Encyclopedia https://translated.turbopages.org/proxy_u/en-ru.ru.8bb7f0e2-68563386-5fe7fa05-74722d776562/https/en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_IJK.

⁵⁹https://www.yfull.com/tree/F*/

⁶⁰Qiaomei Fu, Cosimo Posth, Mateja Hajdinjak, Martin Petr, Swapan Mallick. The genetic history of Ice Age Europe (англ.) // Nature. — 2016-06. — Vol. 534, iss. 7606. — P. 200–205.

⁶¹<https://www.yfull.com/tree/IJ/>

⁶²Грюньи, Виола и др. (июль 2012) Древние мигрирующие события на Ближнем Востоке: новые подсказки из Y-хромосомы вариации современных иранцев. PLoS ONE, Под ред. Тоомас Kivisild, Кембриджский университет, Великобритания. PLoS ONE. 7 (7): e41252. doi 10/1371/journal. Pone. 0041252.

⁶³Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. С. 50.

⁶⁴https://www.yfull.com/tree/F*/

Попробуем обобщить все имеющиеся данные о носителях вышеуказанных Y- хромосомных гаплогрупп, **потомков** Y-хромосомной гаплогруппы F.

1.Необходимо обратить внимание на тот факт, что все вышеуказанные Y-хромосомные гаплогруппы по данным компании YFull образовались по археологическим меркам почти одновременно.

2.Все вышеуказанные Y-хромосомные гаплогруппы относятся к Homo sapiens, если они существовали до максимума Вюрмского (Валдайского, Вислинского) оледенения.

3.Самая ранняя культура Homo sapiens Европы - это богунийская культура. Время существования богунийской культуры ($\approx 48\ 000-40\ 000$ л. н.) в пределах погрешности соответствует времени существования всех вышеуказанных гаплогрупп, включая носителей Y-хромосомной гаплогруппы F возрастом 48800 л.н., потомками которой они являются. Т.о. велика вероятность того, что в Европе, где найдены самые ранние ископаемые останки Y-хромосомной гаплогруппы F Homo sapiens, могли появиться её потомки.

4.Одним из потомков носителя Y-хромосомной гаплогруппы F является носитель Y-хромосомной гаплогруппы I. Y-хромосомная гаплогруппа I считается исследователями исключительно европейской гаплогруппой человека и за пределами Европы в палеолите не встречается (см. ниже). Данные компании YFull по Y-хромосомной гаплогруппе I: formed **42900** ybp⁶⁵ Время образования Y-хромосомной гаплогруппы I также входит в период существования богунийской культуры ($\approx 48\ 000-40\ 000$ л. н.).

5. Несмотря на то, что из промежуточных Y-хромосомных гаплогрупп между носителем Y-хромосомной гаплогруппой F и её потомком – носителем европейской Y-хромосомной гаплогруппы I в Европе найден только носитель Y - хромосомной гаплогруппы IJK (см. выше), существование других вышеуказанных Y-хромосомных гаплогрупп не вызывает сомнений учёных. Велика вероятность того, что все они появились в Европе.

6. В Европе палеолита найден ископаемый носитель Y-хромосомной гаплогруппы **K2a**, которого наряду с носителями Y-хромосомных гаплогрупп **F** и **C1a2** учёные считают **самым древним** в Европе.

7.Носители вышеуказанных Y-хромосомных гаплогрупп, судя по времени образования, могли появиться в богунийской культуре и участвовать в сложении последующих протоориньякских культур. А также в сложении

400400400400400

⁶⁵<https://www.yfull.com/tree/I/>

культур ориньяк, распространившихся по всей Евразии.⁶⁶ Предположительно, культура ориньяк существовала до максимума оледенения, которое на различных территориях Европы фиксируется в разное время.

Обобщив все вышеуказанные данные можно сделать вывод о том, что как сама Y-хромосомная гаплогруппа F возрастом 48800 л.н., так и её потомки, включая Y-хромосомные гаплогруппы I (см. ниже) и K, судя по датам образования, могли появиться в первой культуре Homo sapiens В. и Ю.-В. Европы – богунийской культуре.

Необходимо учитывать тот факт, что все носители Y-хромосомных гаплогрупп **Homo sapiens sapiens** появились только в культуре граветт во время максимума Вюрмского (Вислинского, Валдайского) оледенения. Следовательно, до максимума оледенения существовали носители Y-хромосомных гаплогрупп **Homo sapiens**.

Носители Y-хромосомных гаплогрупп **Homo sapiens** богунийской культуры в последующие периоды (протоориньяк и ориньяк) вместе с зачатками верхнепалеолитической индустрии могли распространиться на территории вне Европы. Однако пережили максимум оледенения, стали **Homo sapiens sapiens** и продолжили верхнепалеолитическую индустрию с микролитической техникой обработки камня только представители культуры граветт Восточной и Западной Европы. Население **Homo sapiens** вне Европы, по всей видимости, не пережило максимума оледенения, а их культуры не имели продолжения.

Нам важно рассмотреть потомков Y-хромосомной гаплогруппы F, которые связаны с современным населением Русской равнины. В данной статье рассматриваются носители Y-хромосомной гаплогруппы I.

§5.1. Y-хромосомная гаплогруппа I-M170 и её потомки.

Y-хромосомная Гаплогруппа I, скорее всего, возникла в Европе.⁶⁷ Она «...встречается в палеолитических местах по всей Европе, но не за ее пределами».⁶⁸

Данные компании Y-Full по гаплогруппе I: formed 42900 ybp⁶⁹.

401401401401401

⁶⁶Jonathan A. Haws et al. The early Aurignacian dispersal of modern humans into westernmost Eurasia. <https://www.pnas.org/doi/epdf/10.1073/pnas.2016062117>

⁶⁷Рутси Сири; Кивисилд, Тоомас; Бенуци и др.(2004). Филогеография Y-хромосомы гаплогруппы I-M170 раскрывает различные домены доисторического генного потока в Европе. Американский журнал по генетике человека. 75 (1): 128-137.

⁶⁸Фу, Цяомэй; и др. (2016 год). Генетическая история Европы ледникового периода. Природа. 534 (7606): 200-5.

⁶⁹<https://www.yfull.com/tree/I/>

Носители исключительно европейской Y-хромосомной гаплогруппы I палеолита (образовалась 42900 л. н.), будучи **Homo sapiens** могли появиться ещё в богунийской культуре Европы (≈ 48 000 - 40 000 л. н.).

Носители Y-хромосомной гаплогруппы I могли участвовать в создании культур протоориньяк и ориньяк, будучи **Homo sapiens**.

Носители Y-хромосомной гаплогруппы I возрастом 27 500 л. н. могли участвовать в создании культур европейского граветта, пережить максимум оледенения, стать **Homo sapiens sapiens** и иметь потомков. Нижеуказанные данные свидетельствуют о том, что носители Y-хромосомной гаплогруппы I участвовали в создании культуры Восточный граветт.

§5.2. Носители Y-хромосомной гаплогруппы I Восточного граветта.

Культура граветт датируется приблизительно 28 000 – 21 000 годами до н. э.

В настоящее время самым древним образцом Y-хромосомной гаплогруппы I (M170), которая относительно распространена в Европе, является образец Krems WA3 из Нижней Австрии, датируемый примерно 30–31 тыс. лет назад. Примерно в это же время появилась культура верхнего палеолита, известная как граветтская.⁷⁰

Тешлер и др. (2020) исследовали останки одного взрослого мужчины и двух мальчиков-близнецов из Восточного граветта в Австрии. Все они принадлежали к Y-хромосомной гаплогруппе I.⁷¹

В создании культур граветт, судя по времени образования, могли участвовать и носители Y-хромосомных гаплогрупп I1, I2, I2a.

Данные компании Y-Full по гаплогруппе I1: formed 27500 ybp⁷².

Данные компании Y-Full по гаплогруппе I2: formed 27500 ybp⁷³.

402402402402402402

⁷⁰Семино О., Пассарино Г., Офнер П. Дж., Лин А. А., Арбузова С., Бекман Л. Э. и др. (ноябрь 2000 г.). Генетическое наследие *Homo sapiens sapiens* эпохи палеолита у современных европейцев: взгляд с точки зрения Y-хромосомы. *Science*, Volume 290, Issue 5494, pp. 1155-1159 (November 2000).

⁷¹Тешлер и др. (6 ноября 2020 г.). Древняя ДНК свидетельствует о существовании монозиготных близнецов, родившихся в эпоху верхнего палеолита.

https://translated.turbopages.org/proxy_u/en-ru.ru.1b74fcd0-68f31401-e25b79b0-74722d776562/https/pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7648643/

⁷²<https://www.yfull.com/tree/I/>

⁷³Там же.

гаплогруппы I мезолита/неолита: «**I2a2a1b** CTS 10057 Finland, Poland, Serbia abt. 8000 y.a.; ancient DNA **I2a2a** Latvia abt. 7500 y.a., Ukraine abt. 7000 y. a., abt. 4800 y.a., Hungary abt. 7000 y. a., abt. 4700 y.a., abt. 4300 y.a., abt. 3800 y.a., Bulgaria abt. 5200 y.a., Poland abt. 5000 y.a. Russia abt. 4600 y.a.; **I2a1a2** S21825 Poland, Lithuania abt. 6300 y.a.; **I2a1a1** M26 Russia ancient DNA; **I2a2b** FGC29562 Russia, Romania, Slovakia ancient DNA; **I2c1** PF6915 Ukraine ancient DNA; **I2c2** PH 2569 Russia, Bulgaria ancient DNA».⁷⁷

Вывод

На Русской равнине и ближайших к ней территориях в мезолите и неолите присутствовали потомки носителей Y-хромосомной гаплогруппы I2a, которые могли участвовать в создании мезолитических и неолитических культур Русской равнины, а также культур В. и Ю.-В. Европы.

§6. Другие данные о древнейших ископаемых носителях различных Y-хромосомных гаплогрупп в Европе.

Ю Ю, Галичи, ещё 125 авторов в марте 2023 опубликовали исследования, используя данные по 250 ранее опубликованным и новым ископаемым образцам палеолита, мезолита и неолита Европы.⁷⁸ Они разделили находки на кластеры. Самый важный материал находится в таблице, куда поместили Y-хромосомные гаплогруппы ископаемых образцов. В данной статье рассматриваются ископаемые носители Y-хромосомных гаплогрупп без привязки к кластерам.

§6.1. Обобщающий обзор данных таблицы.

Если рассматривать Y-хромосомные гаплогруппы известных на сегодняшний день ископаемых образцов Европы верхнего палеолита, то можно заметить, что их набор состоит из следующих Y-хромосомных гаплогрупп: CT, CF, C, F, I2a. В мезолите появились Y-хромосомные гаплогруппы, R1a, Q, R1b Оленьего Острова и R1a, R1b Украины.

Носители Y-хромосомных гаплогрупп CT и CF появились задолго до тех ископаемых образцов Европы, которые имеются в наличии.

Данные компании Y-Full по Y-хромосомной гаплогруппе CT: formed **88000** ybp⁷⁹. Данные компании Y-Full по Y-хромосомной гаплогруппе CF:

404404404404404

⁷⁷ISOGG (International Society of Genetic Genealogy) Y-DNA Haplogroup Tree 2019-2020 <https://isogg.org/tree/>

⁷⁸Ю Ю, Айшин Галичи, ещё 125 авторов. Палеогеномика верхнего палеолита для европейских охотников – собирателей неолита. Март 2023/Природа 615(7950):117-126. DOI: 10.1038/s41586-023-05726-0

⁷⁹<https://www.yfull.com/tree/CT/>

formed 68500 ybp. Данные компании Y-Full показывают, что носители Y-хромосомных гаплогрупп СТ и СF возрастом 68 500 тыс. л. н. и 65 900 тыс. л.н. выжили при космогенной катастрофе (о космогенной катастрофе читай А.А.Клёсова⁸⁰).

Судя по датировкам (см. таблицу), найденные в Европе ископаемые образцы не получили последующих мутаций, либо получили возвратные мутации.

А.А. Клёсов отмечает: «Палеогенетические данные указывают на то, что СТ (потомок ВТ) существовала в Азии уже ~50–70 тыс. л.н. (например, находки в Лаосе, Китае)».⁸¹ Выд. Н.И.Г. На данном этапе развития науки это может означать, что в Европу выжившие после космогенной катастрофы потомки носителя Y-хромосомной гаплогруппы СТ могли попасть из Азии.

Самый ранний ископаемый носитель Y-хромосомной гаплогруппы СТ Homo sapiens Европы, по всей видимости, не получивший последующих мутаций, найден в Румынии возрастом 33293-32014 л.н., см. таблицу⁸² (протоориньяк, верхнепалеолитическая индустрия).

Ископаемые носители Y-хромосомной гаплогруппы СТ, не получившие последующих мутаций, найдены во Франции, Германии, Нидерландах, Польше, с различными поздними датировками, см. таблицу.⁸³

Где образовалась Y-хромосомная гаплогруппа СF, неизвестно. На территориях богунийской культуры найдены её потомки: носители Y-хромосомных гаплогрупп С, F и K2b, совпадающие с богунийской культурой по времени существования. В Германии найден ископаемый носитель Y-хромосомной гаплогруппы СF возрастом 15117-14 475 л. н. (возможно, не получил последующих мутаций), см. таблицу.⁸⁴

Самые ранние ископаемые носители Y-хромосомной гаплогруппы С в Европе найдены на территориях следующих культур: богунийская, протоориньяк, ориньяк, граветт.⁸⁵

405405405405405

⁸⁰Клёсов А.А. ДНК – генеалогия от А до Т. М., 2016 С. 27-28.

⁸¹Клёсов А.А. Опять погеноетики и опять о «выходе анатомически современного человека из Африки». // Вестник Академии ДНК – генеалогии №8, август 2025. С. 1083.

⁸²Ю Ю, Айшин Галичи, ещё 125 авторов. Палеогеномика верхнего палеолита для европейских охотников – собирателей неолита. Март 2023/Природа 615(7950):117-126. DOI: 10.1038/s41586-023-05726-0

⁸³Там же.

⁸⁴Там же.

⁸⁵Наумова И.Г. Вехи истории. Участие Y - хромосомной гаплогруппы С в создании древнейших культур Homo sapiens и Homo sapiens sapiens Европы, включая Русскую равнину. // Вестник Академии ДНК – генеалогии №10, октябрь 2025. С. 1507.

Носители Y-хромосомной гаплогруппы F и их потомки в Европе найдены на территориях следующих культур: богунийская, селет, протоориньяк, ориняк, граветт, см. выше. Особей культуры граветт, переживших максимум оледенения, можно назвать уже *Homo sapiens sapiens*.

Из таблицы следует, что начиная с верхнего палеолита на Западе Европы доминировали носители Y-хромосомных гаплогрупп CT и C (возможно, E и D, самые ранние образцы которых пока не найдены).

На Востоке Европы и в Германии, начиная с верхнего палеолита, доминировали Y-хромосомные гаплогруппы CF, F, I2a.

§6.1. 1. Данные таблицы по Y-хромосомной гаплогруппе I2a.

Из таблицы следует, что самые многочисленные носители Y-хромосомной гаплогруппы I2a существовали в Германии и на Украине. Если к данным таблицы присовокупить данные А.А. Клёсова по Русской равнине (см. выше), а также другие данные по близлежащим территориям (см. выше), то можно заметить, что на Востоке Европы, включая Германию, начиная с верхнего палеолита, непрерывно доминировала Y-хромосомная гаплогруппа I2a. Это может означать, что не было продвижения населения с Запада на Восток. Скорее наоборот, происходила инфильтрация носителей Y-хромосомной гаплогруппы I2a на Запад.

Многочисленность ископаемых образцов на Украине и в Германии может быть связана с многочисленностью исследований ископаемых образцов. Многие страны Восточной Европы не имеют таких многочисленных данных. Территория России, за небольшим исключением, представляет собой белое пятно. Нужны генетические исследования ископаемых образцов вкупе с археологией для того, чтобы верно охарактеризовать истоки археологических культур Восточной Европы (в том числе, Русской равнины) в верхнем палеолите, мезолите, неолите.

Общие выводы.

1. На территории богунийской культуры (Бачо-Киро, Болгария) найден самый ранний носитель Y-хромосомной гаплогруппы F (F-M89) возрастом 44 180–42 450 лет до н. э.⁸⁶ Это одна из самых ранних гаплогрупп *Homo sapiens*, отделившихся от сводной гаплогруппы CF.

2. Носители Y-хромосомной гаплогруппы F богунийской культуры *Homo sapiens*, не получившие последующих мутаций, при начавшемся похолодании могли сохраниться в пещерах Крыма (пещера Буран-Кая-III, ископаемый образец VuKa3C возрастом 36245–37415 л., селетоидные 406406406406406_____

⁸⁶Mateja Hajdinjak et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. Nature 592,253-257, 2021.

слои). Они и их потомки могли участвовать в сложении последующих культур Восточной Европы, в том числе, Русской равнины.

3. Y-хромосомная гаплогруппа F обнаружена у образца Vestonice 43, возрастом около 30 тыс. л. н. (Дольни-Вестонице, Чехия, Восточный граветт). Образец Vestonice 43 Восточного граветта можно назвать уже *Homo sapiens sapiens*.

4. У представителя культуры граветт из Дольни-вестонице, жившего ок. 31 тыс. лет назад, была определена Y-хромосомная гаплогруппа IJK (образовалась 48500 л.н.). Образец, по всей видимости, не получил последующих мутаций.

5. У образца Raglicci 133 из пещеры Пальиччи в Италии (34–31 тыс. л. н.) была определена Y-хромосомная гаплогруппа I (образовалась 42900 л.н.). Образец, по всей видимости, не получил последующих мутаций. Потомки богунийской культуры *Homo sapiens* при начавшемся похолодании (до максимума оледенения), очевидно, продвинулись в Италию. Носители Y-хромосомной гаплогруппы I *Homo sapiens* могли участвовать в сложении культур протоориньяк и ориньяк. В Италии отсутствовала культура граветт (из Восточного граветта был принесён эпиграветт). Следовательно, носители Y-хромосомной гаплогруппы I Италии, вероятно, не пережили максимум оледенения.

6. Предки живых примеров Y-хромосомной гаплогруппы IJ*, найденных в Иране, среди Мазандарани и этнических персов из Фарса, могли стать *Homo sapiens sapiens* только в культуре граветт Европы в максимум оледенения и продвинуться в Иран в любое постледниковое время через любые территории.

7. Ископаемые образцы ***Homo sapiens sapiens***, потомки Y-хромосомной гаплогруппы I2a (образовалась 21300 л. н., конец максимума оледенения) найдены, в основном, в Германии и Восточной Европе. Они могли быть потомками богунийцев, пережившими максимум оледенения в культуре Восточный граветт. В мезолите, неолите Германии и Восточной Европы продолжают доминировать носители Y-хромосомной гаплогруппы I2a. При этом на Западе Европы их находки не так многочисленны. Это может означать, что население не продвигалось с Запада на Восток Европы, скорее, наоборот.

Заключение.

В создании богунийской культуры ***Homo sapiens***, судя по ископаемым образцам, могли участвовать носители Y-хромосомных гаплогрупп Si F и их потомки, совпадающие с богунийской культурой по времени своего существования.

В создании протоориньякских культур ***Homo sapiens*** могли участвовать носители Y-хромосомных гаплогрупп C и F (не получившие последующих мутаций) и их потомки, совпадающие с протоориньякскими культурами по времени своего существования.

Потомки носителей Y-хромосомных гаплогрупп С и F, будучи *Homo sapiens*, могли распространиться на территории Леванта, Центральных Балкан, присредиземноморских районов Северной Италии, Южной Франции, Восточной Испании. Это те места, куда могли мигрировать богунийцы при начавшемся похолодании вместе с зарождающимися верхнепалеолитическими технологиями обработки камня. Исследователи считают, что продвижение произошло в течение относительно короткого периода. Это можно назвать первым расселением *Homo sapiens* Европы.

В создании ориньякских культур **Homo sapiens** могли участвовать носители Y- хромосомных гаплогрупп С и F (не получившие последующих мутаций) и их потомки, совпадающие с культурой ориньяк (или, скорее, культур – вариантов культурного развития из культур протоориньяк) по времени своего существования. Они распространились от Атлантики до Алтая. Это можно назвать вторым расселением *Homo sapiens*.

Потомки носителей Y-хромосомных гаплогрупп С и F вне Европы, будучи **Homo sapiens**, по всей видимости, не пережили максимум оледенения. На этих территориях могут быть найдены ископаемые образцы, не имеющие потомков, а также археологические культуры с зачатками верхнепалеолитических индустрий, не имеющие продолжения.

Потомки носителей Y-хромосомных гаплогрупп С и F, оставшиеся в Европе, могли участвовать в создании культур Восточный и Западный граветт. Они могли пережить максимум оледенения. Их можно назвать **Homo sapiens sapiens**. Велика вероятность того, что в создании культуры граветт участвовали все потомки Y- хромосомной гаплогруппы F (G, H, I, J и K), совпадающие с культурой граветт по времени своего существования. А также носители Y-хромосомной гаплогруппы C2a1. Только те индивиды, которые пережили максимум оледенения и их потомки, могли распространиться по всему миру. На данный момент проследить пути их миграций сложно. Можно только определить те территории, на которых они впоследствии размножились.

Расселение потомков Y-хромосомных гаплогрупп С и F после максимума оледенения сопровождалось микролитической техникой обработки камня. На тех территориях, где имелось сырьё, дальнейшее развитие продолжалось. На тех территориях, где отсутствовало достаточное количество сырья, дальнейшее развитие замедлялось. При этом замедлялось и развитие самих потомков Y- хромосомных гаплогрупп С и F, что наблюдалось у аборигенов Ю. - В. Азии, Австралии и др.

Определить участие Y-хромосомных гаплогрупп *Homo sapiens* и *Homo sapiens sapiens* в образовании древнейших культур Европы можно только

с точки зрения ДНК - генеалогии А.А. Клёсова. Никакие фермеры и охотники-собиратели без использования данных по носителям Y-хромосомных гаплогрупп ДНК - генеалогии А.А. Клёсова, не смогут указать конкретно на состав населения древнейших культур Европы в палеолите, мезолите, неолите.

ДНК - генеалогия А.А. Клёсова включает в себе и важнейшую гуманитарную составляющую: она может помочь объединить народы. Важность ДНК - генеалогии А.А. Клёсова должны понимать руководители российской науки и политики.

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.

La guerre nucléaire de l'oligarchie des cancrs

Anatoly Livry, Altdorf, Suisse

« Pour détruire les peuples blancs d'Europe, on les lancera les uns contre les autres. Et puis seulement, on les dépouillera. L'extermination est le projet premier, le vol de leurs biens n'arrivera que dans un second temps », telle était la prévision que j'avais formulée il y a plusieurs années lors d'une interview sur une télévision russe⁸⁷ concernant cette tendance qui, à l'époque, ne faisait que se dessiner en Europe.

En décembre 2023, j'avais en effet senti les premiers frémissements parcourant l'Europe francophone : il s'agissait de commencer à armer les restes des peuples autochtones afin de les envoyer au front pour qu'ils s'y fassent exterminer et ainsi pouvoir, en toute impunité, les voler. Le président français, qui n'a plus rien à voir avec un homme politique au sens classique du terme, passait une épreuve devant ses maîtres cosmopolites et comme un étudiant cherchant à tout prix à décrocher une bonne note, il alignait les mots-clés exigés par ses professeurs. Le champ lexical de

410410410410410—

⁸⁷ Dr Anatoly Livry, «Как работает пятая колонна. Генезис и селекция русофобов "Нас хотят сначала убить, а потом уж обокрасть".», *Den – TV*, le 28 janvier 2023.

L'« armement » a ainsi été convoqué jusqu'à la nausée dans son allocution adressée aux Français le 31 décembre 2023, allocution par laquelle il s'attachait en vérité à assurer ses commanditaires de sa détermination à mener à son terme leur projet.⁸⁸ Une année s'est écoulée et le 31 décembre 2024, le bipède francophone de l'Élysée mettait cette fois à l'honneur nos enfants – bien qu'il n'en ait pas et ne puisse en avoir, compte tenu de ses particularités. Connaissant l'obsession des monstres qui lui ont permis d'accéder au pouvoir pour la chair fraîche des enfants de divers âges, j'en ai tout de suite tiré la conclusion suivante : s'esquisse sous nos yeux une gigantesque messe noire où les rejetons des peuples blancs devront être sacrifiés.

Dès le début de cette année 2025, j'ai prévenu mes lecteurs tant francophones que d'autres aires linguistiques⁸⁹ d'éloigner leurs enfants de la V^e république : « Il y a 15 mois, il pointait déjà la Russie comme adversaire. Je me rappelle que, passant le même type d'examen un an plus tard (le 31 décembre 2024), Macron, cette créature incapable d'engendrer, avait déclaré vouloir prendre soin de "nos enfants". Dans une publication à ce propos, j'ai tout de suite appelé les Français ayant une descendance à prendre autant que possible leurs distances avec les terroristes de l'Élysée. »⁹⁰. Sur-le-champ, les derniers rédacteurs français qui me publiaient encore, qu'ils soient de gauche ou de droite, ont commencé à me censurer de manière effrénée, effaçant quasi toutes mes publications. Radio « courtoisie » ou TV-« libertés » me censuraient déjà depuis des années.⁹¹ Désormais, c'est également le cas de *4 Vérités*, de *Riposte laïque* de ou de *Strategika* dont les rédacteurs ont bloqué l'ensemble de mes publications. Au milieu de cette omerta mafieuse, la Suisse demeure le dernier îlot d'une certaine liberté de parole qui me permet d'évoquer ce sujet.⁹²

Tous ces événements m'ont confirmé la catastrophe psychique systémique que subit la nation française et dont les sources se trouvent dans ces générations de nos

411411411411411

⁸⁸ Dr Anatoly Livry, « Le "réarmement" du kolkhoze francophone », *Strategika*, Paris, le 27 février 2024, <https://strategika.fr/2024/02/27/francais-preparez-vous-a-etre-massacres-par-les-russes-ou-le-veritable-message-des-voeux-2024-de-macron>.

⁸⁹ «31 декабря 2024 года этот неспособный к отцовству гоминид дважды обещает заняться будущим "наших (SIC) детей", - то есть определяя детей, находящихся на территории Франции, как собственных! На месте французских родителей я бы как можно скорее вывез своих отпрысков из зоны вредоносного воздействия президента Пятой республики и его опекунов.», Др. Анатолий Ливри, «Президент Франции: русофобия и селекция извращенцев», *Geopolitika*, Moscou, 7 février 2025, <https://www.geopolitika.ru/article/prezident-francii-rusofobiya-i-selekcija-izvrashchencev>.

⁹⁰ Dr Anatoly Livry, « La République "française" et la schizophrénie terroriste » in *Proceedings of the Academy of DNA Genealogy*, Boston-Moscou-Tsukuba, volume 18, n°4, avril 2025, p. 542, <https://anatoly-livry.e-monsite.com/medias/files/18-4-2025-540-544.pdf>

⁹¹ Dr Anatoly Livry, « Pauvre France ! Sa droite irréformable et ses excréments mal dissimulés », *Geopolitika*, Moscou, le 15 octobre 2025, <https://www.geopolitika.ru/fr/article/pauvre-france-sa-droite-irreformable-et-ses-excrements-mal-dissimules>

⁹² Conférence de Dr Anatoly Livry, invitée par Résistance Helvétique, en présence de Professeur Uli Windisch (Université de Genève), le 20 septembre 2025 : « L'incapacité de la droite, affaiblie par sa sélection négative, à réformer y est analysée et les responsables du désastre francophone occidental y sont explicitement nommés » : <https://t.me/resistancehelvetiqueofficiel/326>.

élites passées au crible du *cerebral sorting* négatif instauré par notre Université.⁹³ Cette souffrance psychique structurelle, qui se trouve à la base de la création d'une classe dirigeante qu'à juste titre j'ai qualifiée de « pathocratie »⁹⁴, est la cause première de cette totale incapacité de réforme réelle que l'on peut observer en France et dans la Communauté dite européenne, quels que soient les dirigeants considérés. Vous pouvez remplacer Ursula von der Leyen par Macron et ce dernier par le « jeune » dirigeant du Rassemblement national, les derniers sucs des peuples européens seront quand même lancés sur le front russe – sauf intervention d'une « divine surprise » que j'évoque ouvertement depuis 2024.⁹⁵

Les cancre corrompus ou les sélectionneurs des sélectionneurs

Comment cette robotisation de *l'establishment* francophone, que Bernanos espérait combattre à en lire sa publication brésilienne de 1947, fut-elle possible ? La sélection négative française est institutionnalisée. Le hasard a voulu que j'en apprenne les rouages et la méthodologie par un contact rapproché et imposé avec le Conseil national des universités français (CNU), une structure dont la France a directement hérité en 1945, par l'intermédiaire de Maurice Thorez rentré de Moscou, de la Commission soviétique qui sélectionnait les professeurs et les maîtres de conférences en URSS.

J'ai décidé de tirer profit de cette relation plus que désagréable car, depuis des années, les fondations des États-Unis qui purifient actuellement les facultés américaines via la Maison-Blanche me demandaient des rapports sur le fonctionnement réel de ce soviet du Ministère de l'enseignement supérieur afin de savoir qui pratique et selon quelles méthodes l'écramage des futurs professeurs français, lesquels privilégient à leur tour leurs semblables paranoïaques, collectivistes, souvent illettrés.

J'ai pu établir des rapports de centaines de pages à destination de ces fondations états-uniennes sur la paranoïa groupusculaire, qu'elle soit de gauche ou de droite, qui règne dans ces soviets de la V^e république incapables de réagir sainement à une critique purement scientifique. Chaque année, j'ai analysé à l'attention de ces fondations traditionalistes américaines ayant conçu les réformes de Donald Trump – qui chasse actuellement les *wokistes* de Stanford et de Harvard – un réflexe aussi constant qu'étrange : chaque fois que l'on présente aux membres de cette commission les nullités professionnelles de leurs collègues, l'ensemble des sections du CNU, au lieu de proposer des plates-formes académiques pour discuter de ces dysfonctionnements, ensevelit les failles flagrantes de ces « spécialistes » sous des hurlements quasi simiesques.

412412412412412

⁹³ Dr Anatoly Livry, [« La matrice des lois liberticides ou l'Université vue de l'intérieur », *Le Harfang*, été 2024, Drummondville \(Québec\), p. 24-33.](#)

⁹⁴ Dr Anatoly Livry, [« Патократия, антиэлиты и контрэлиты. » \(Pathocratie, anti-élites et contre-élites.\) in *Proceedings of the Academy of DNA Genealogy*, Boston-Moscou-Tsukuba, ISSN 1942 – 7484, volume 13, n° 6, juin 2020, p. 910 – 912.](#)

⁹⁵ Dr Anatoly Livry, [« L'inutilité de la démocratie en Occident ou de la divine surprise », *Le Harfang*, automne 2024, Drummondville \(Québec\), p. 20-21.](#)

Quand François Hollande devenu député français a proposé un projet de loi offrant l'« asile scientifique » aux cancrs américains, j'avais déjà, à maintes reprises, analysé auprès de ces grands mécènes des facultés américaines comment, lorsqu'on présente les failles flagrantes d'un professeur à la Sorbonne publiant un recueil académique sur l'Arabie heureuse mais incapable de situer ce concept dans le temps et lorsqu'on évoque le problème de la sélection des sélectionneurs qui ont permis l'émergence de tels auteurs ou rédacteurs, l'ensemble des collègues des cancrs professoraux se met à délibérément ignorer la niaiserie de leurs « chers confrères » – car en protégeant ces cacographes, c'est leur propre nullité qu'ils protègent.⁹⁶¹

Comble du ridicule : plus le déshonneur de ces cancrs universitaires français croît aux États-Unis, en Chine, en Russie, au Brésil⁹⁷, plus ils dressent un rideau de fer psychopathique, refusant de voir leur néant en face. C'est précisément ce travail assidu de plusieurs années sur l'inaptitude à s'autoréformer des sélectionneurs qui m'a permis de conclure à l'absence totale d'espoir pour l'avenir des peuples francophones d'Europe.

Les moutons chefs, dirigeants officiels des Français ou des Belges, sauront faire le nécessaire pour que s'accomplisse ce pour quoi ils ont été choisis par leurs semblables. Ils étoufferont aisément toute réalité sous une chape d'hystérie qui éloignera la vie concrète, autrement dit la possibilité d'échapper au massacre commun des peuples de l'Europe.

Une guerre nucléaire ou la suppression des oligarques occidentaux

Ce texte a pour vocation de dissuader les puissances eurasiatiques et américaines de prendre au sérieux les oligarques occidentaux de la communauté européenne, ou d'espérer y trouver des interlocuteurs psychiquement valables dans l'avenir. Les pions à Paris ou à Bruxelles changeront, mais le type du *Gauleiter* francophone ne sera jamais modifié, compte tenu de la dégénérescence des sélectionneurs des sélectionneurs. Le point de non-retour est passé. Il leur faut une guerre, nucléaire de préférence. Ces robots jouissant d'une micro-puissance ont été programmés pour la déclencher, même s'ils espèrent en réchapper personnellement dans une auberge antiatomique en Argentine ou en Nouvelle-Zélande (ce dont je ne suis même pas sûr, car les guignols, quand ils ont bien servi, deviennent inutiles pour leurs marionnettistes). Ils ne se détourneront jamais de ce chemin avant de l'avoir entièrement parcouru ou – et là, c'est un conseil que je donne aux pôles de certaines puissances – avant d'être supprimés comme type.

Dr Anatoly Livry, Altdorf, Suisse

413413413413413413

⁹⁶ Dr Anatoly Livry, « ["L'Arabie heureuse" de B. Franco, professeur à la Sorbonne](#) » in [Proceedings of the Academy of DNA Genealogy, Boston-Moscou-Tsukuba, ISSN 1942-7484, volume 16, n°3, mars 2023, p. 439 - 448.](#)

⁹⁷ Cf. p. ex. Dr Anatoly Livry, « Nietzsche souillé par des marchands portant le titre de professeur », *Paradigme humanitaire*, Yalta, Ulrich's Periodicals Directory, mars 2025, n° 1 (32), p. 6-28.

Прямая Линия

А.А. Клёсов

Часть 99

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.

[Владимир Богданов 14 сен 2025 в 0:34](#)

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич! Фатьяновская культура по ДНК-генеалогии имела гаплогруппу R1a1. Но фатьяновцев на русской равнине заменили дьяковцы. Есть ли данные, какая гаплогруппа была у дьяковцев? Они жили 1.5 тыс лет на большой территории от Смоленской области до Вологодской. И являются ли дьяковцы предками русских?

[Анатолий А. Клёсов 14 сен 2025 в 9:44](#)

Уважаемый Владимир,

Дьяковцы (2700-1500 лет назад), конечно, не заменили фатьяновцев (4900-4000 лет назад), между ними дистанция в 2 тысячи лет. Но преемственность должна была быть, пусть через много археологических культур. С дьяковцами, как и с любыми археологическими культурами, у археологов сплошные мнения о происхождении, причем мнения совершенно противоречивые. Сначала полагали, но многие полагают и сейчас, что это были "финны", или "финно-угры", но мнения постепенно стали сдвигаться, что это были славяне. Гаплогруппы дьяковцев пока неизвестны (не видел), но могу высказать предположение, основанное на общем "ландшафте" гаплогрупп тех времен. Все культуры от Днепра до Урала, включая дьяковскую, а также мощинскую, днепро-двинскую,

городецкую, ильменскую, москворецких городищ, создавались на основе населения, мужчины которого относились к гаплогруппе R1a-Z280, к западу от них нарастала гаплогруппа R1a-M458. Именно через эти территории шла миграция уральцев (N1a1), начиная примерно с 3500 лет назад, которые прибыли к Балтике только к концу прошлой эры (около 2000 лет назад), наиболее шустрые могли подойти к Балтике к середине I тыс до н.э., то есть примерно 2500 лет назад. Это могло принести малую долю носителей N1a1, но назвать финно-уграми их уже было нельзя, так как за время тех миграций они перешли на язык носителей R1a, то есть на индоевропейские языки. Впрочем, назвать "финнами" их тем более было нельзя, будущие финны пришли на территорию будущей Финляндии только в начале I тыс н.э., а то и к середине I тыс н.э. Более того, помимо языков, за время миграции будущие литовцы и латыши потеряли 40% своей N1a1, которая заменилась на 40% R1a-Z280, основной гаплогруппой современных русских.

Поэтому вполне можно сказать, что те носители R1a-Z280 между Днепром и Уралом, и на север до Вологодской области, включая все перечисленные выше археологические культуры, включая дьяковскую (ударение на букву о), были предками современных русских. Заметьте, как минимум с II тыс до н.э., а на самом деле с III тыс до н.э. Примеси N1a1, если будут найдены, этот вывод не изменят.

[Юлия Филипповна 14 сен 2025 в 6:36](#)

Анатолий Алексеевич, в сети очень мутная информация о ДНК викингов. Где-то пишут, что среди них было много славян, а где, что только славяне и были. То есть, конкретной процентовки не даст никто?

Второй вопрос по поводу рогатых шлемов. Опять кто в лес, кто по дрова. Одни пишут, что рога были у викингов, другие, что у древних македонцев. Знаете ли вы что-то об этом? И да, может ли у древних македонцев быть N1a или R1a? Если чисто теоретически?

Нашла очень интересную информацию о варягах. Ваше мнение. И ещё раз огромное спасибо, что Вы с нами на прямой линии. Это бесценно в наши дни.

"Имя варягов, если принять их северное, арийское происхождение восходит к наименованию главной птицы иранцев «Вараги». Ученые связывают его с вороном, но, судя по тексту, это Жар-птица, хотя может быть «Ворон Воронович» из сказки о подземном царстве или царь птиц индийцев. Таким образом, варяги должны быть родственны «гарудам».

P.S. Опять забыла спросить про Рязано-окцев! Они же тоже N1a1. Близки ли они, например, к Рюриковичам по маркерам и снипам?

[Анатолий А. Клёсов 14 сен 2025 в 10:19](#)

Уважаемая Юлия Филипповна, информация "мутная", потому что другой быть не может. Вы не задавались вопросом, какая гаплогруппа у пиратов? Вы скажете, и правильно, что вопрос некорректный, потому что пираты - не племя, не этнос. Так то же самое и викинги. Это были пираты. То, что среди них было "много славян", это, как всегда, "по понятиям". То, что среди них было много скандинавов - это так, потому что на Британских островах благодаря им есть много типично скандинавских снипов R1a-Z284. А вот славянских R1a-Z280 или R1a-M458 на Британских островах совсем мало. Чтобы быть предметным, в выборке YFull из более чем 800 образцов из Англии, носителей R1b 379 человек (47%), I1 - 169, I2a - 97, E1b - 62, R1a - 58, из последних "скандинавского" снипа Z284 15 человек, L664 (это условно "голландский" снип) 20 человек, Z93 - 12, Z280 - 4, M458 - 1. То есть два последних, условно "славянских" - 0.5% и 0.1%, соответственно.

Для проверки рассмотрим ирландские образцы, их в списке около 700 человек, из них R1b 466 человек (69%), I1 - 49, I2a - 133, E1b - 13, R1a - 15 человек, из них "скандинавского" Z284 - 8 человек, то есть половина, "голландского" L664 - 6 человек, а Z280 и M458 вообще нет.

О рогах - мне бы Ваши заботы. Опять Вы пошли по мнениям. Добавлю еще одно - что рога на шлемах были декоративными, в бой с ними не ходили.

Про варягов "информацию" искать не нужно, из классики - почитайте С.А. Геденова "Варяги и Русь", из самого последнего - двухтомник В.В. Фомина "Антинорманизм. Наука против лжи" (2025), где второй том полностью посвящен "варяжскому вопросу", а в первом томе дана история этого вопроса, в главе под названием "Разработка варяго-русского вопроса в 1802-1940-х годах".

Не знаю, откуда Вы взяли, что рязано-окцы - они (то есть все?) N1a1. Да, есть у них и N1a1, регион такой, в древности там шли миграции с Урала. Все N1a1 близки к рюриковичам гаплогруппы N1a1 по гаплогруппам, а снипы у всех разные. Такие, как у группы "рюриковичей" ни у кого больше нет (кроме пары человек, кто-то с Байкала, кто-то из Румынии). В рюриковичи их обычно не зачисляют, потому что рюриковичи - это статус рода и история России, а не просто гаплотип. А то по Жванецкому - "одна ошибка, и ты отец".

Копия у Вас снята, она неинформативна.

[Игорь Рожанский 15 сен 2025 в 19:12](#)

>рюриковичи - это статус рода и история России, а не просто гаплотип

С этим как раз постоянно происходит путаница. Любители, а порой и профессионалы, постоянно путают понятия социального статуса и ДНК-рода. Князья Белосельские-Белозерские не перестают быть Рюриковичами оттого, что у их потомка определили ветвь R1a-YP569. И наоборот, в субкладе N-Y10931 недавно идентифицировали новую ветвь FTT120 в составе 1 поляка, 2 литовцев и 2 русских, из которых ни один не имеет сведений о принадлежности к роду Рюриковичей. Это какая-то отдельная линия, история которой неясна. Еще больше путаницы добавляет, что ветвь N10931 порой называют Мономашичами, как будто уже известно, кто ее родоначальник.

Вариант "по Жванецкому" далеко не единственный, а, может быть, и не основной для появления простолюдинов из этого древнего рода. В силу своей многочисленности в нем неизбежно должно было происходить расслоение, а какие-то обедневшие рода теряли свой статус и переходили в податные сословия. Я уже приводил пример с Толстыми, когда потомок государственных крестьян сначала доказал свою принадлежность к знаменитому роду с помощью теста Big Y, а затем сумел по архивным данным проследить свои родословную до Толстых из-под Тулы, тех самых. Без всяких "одна ошибка", просто так сложились обстоятельства.

[Анатолий А. Клёсов 16 сен 2025 в 16:00](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Немного расшифрую понятие "государственные крестьяне". В те времена государственные крестьяне не были "простолюдинами", тем более "простолюдинами из древнего рода". Когда Вы пишете - "потомок государственных крестьян доказал свою принадлежность к знаменитому роду", многие, видимо, подумают, что "государственные крестьяне" это "обычные" крестьяне, каких было множество на Руси, и не поймут, как это так, чтобы крестьянин оказался из знаменитого рода. На самом деле, государственные крестьяне - это в прошлом дворяне, относились к военно-боевому сословию. Несколько выдержек ниже - из моей книги "Служба кровию и смертию. Дворяне и дети боярские".

>В 18 веке понятие «дети боярские» для служилых людей исчезает, остается термин «дворяне». Для уходящих в отставку с воинской службы на свое поместье, в особенности для тех, кто не служил во времена 1-й ревизии (1720-е годы, см. ниже), термин «дети боярские», как и «дворяне» часто, особенно у малопоместных, заменяется понятием «однодворцы». Более того, ушедшие с воинской службы «на землю» обычно в итоге перетекали в свободные, или вольные крестьяне, которые потом получили официальное название «казенные крестьяне» или

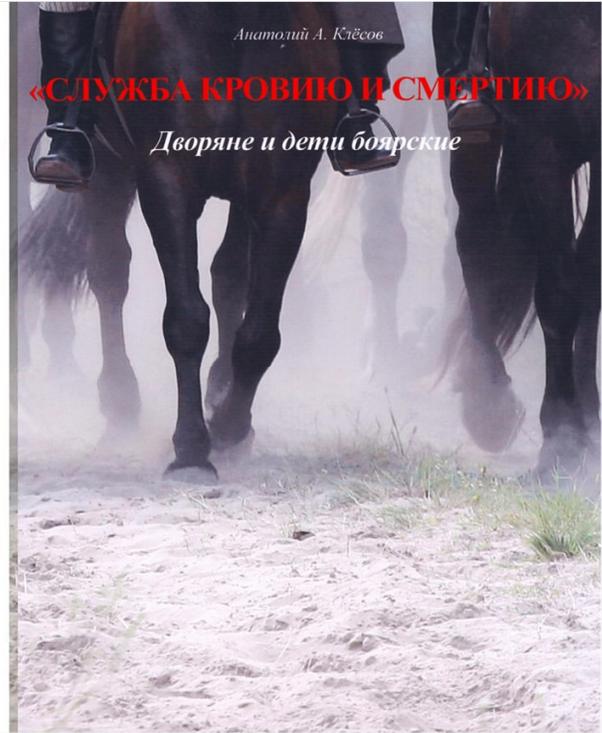
«государственные крестьяне», о чем мы потом расскажем. В любом случае, уход с военной службы во многих случаях означал конец дворянства. Некоторые потом возвращались на воинскую службу и получали обратно дворянский титул, но после специального рассмотрения.

>Об этом же пишет и К.П. Победоносцев в своем «Курсе гражданского права»: «В состав их (однодворцев) поступили впоследствии некоторые старинные дворянские роды, сделавшиеся мелкопоместными, а при Петре I иные дворяне, уклонившиеся от нового порядка службы, имевшие по 100 и по 200 дворов крестьян, тоже записались в однодворцы».

>В целом, после прохождения некоторого времени и ряда указов правительства, сформировалось сословие однодворцев, которые заняли промежуточное положение между мелкопоместным дворянством и крестьянством. Их так и называли во многих документах – вольные крестьяне, в отличие от крестьян барских, помещичьих, а также крестьян удельных (дворцовых), монастырских, экономических (церковных). На современном языке их могли бы назвать фермерами.

>Земля, полученная в поместье, путем испомещения служивых людей, называлась четвертной, а право владеть этой землей называлось четвертным правом. «Позытьевщина», когда «приставший на наследницу» зять-чужеродец входил в четвертную общину, обычно не давала формального четвертного права, и формальными земельными актами не оформлялась. Крепостных крестьян среди них, конечно, не было, поскольку не пойдет свободная однодворка за барского крепостного. Поэтому женихи и невесты были сплошь однодворческие, из своего круга. Н.А. Благовещенский отмечает, что однодворцам было присуще «страшное чванство своим происхождением и высокомерная родовая нетерпимость к низшим сословиям». И далее – «Многие из них были дворяне и притом истинно родовитые», но попали в подушный оклад за нежелание служить.

>Между тем, со времени первой ревизии в отношении однодворцев произошло важное новшество – «по распоряжению правительства, в 1712 году все однодворцы, не поступившие в регулярную службу, написаны в одну статью, а в 1724 году причислены к государственным крестьянам». Государственные крестьяне – потому, что платят налоги в государственную казну. Именно поэтому их еще называли казенными крестьянами. В.И. Даль в своем «Толковом словаре» приводит старую поговорку – «Казенный крестьянин живет, как бог велит, а барский, как барин рассудит».



[Алексей Репин 17 сен 2025 в 19:19](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Можно ли сказать, что Y гаплогруппа хаттов G2 и J2? Иногда можно встретить утверждение, что они якобы тоже эрбины R1b, почему они якобы и пришли в Анатолию из Сибири. Есть ли какая либо ясность в этом вопросе? Заранее благодарен за любой комментарий!

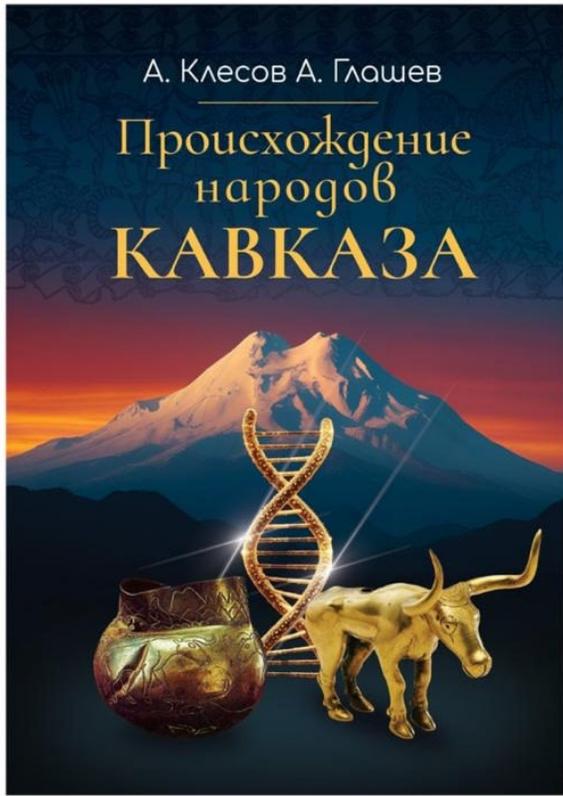
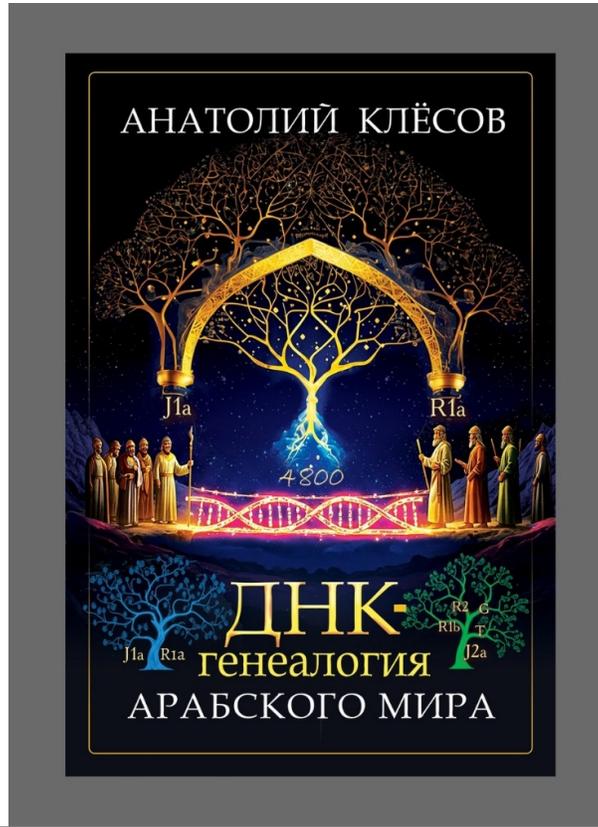
[Анатолий А. Клёсов 17 сен 2025 в 21:39](#)

Уважаемый Алексей,

Сказать-то можно, а смысл? Опять стоит вспомнить изречение И. Ньютона "Гипотез не измышляю". Сказать имеет смысл тогда, когда к этому есть основания, и когда на основании "сказанного" делается определенный вывод, позволяющий продвинуть наши знания. А здесь никакой вывод не сделать, и знание не продвинуть. Так что ждем определений гаплогрупп у хаттов.

[Анатолий А. Клёсов 18 сен 2025 в 20:12](#)

Выйдут в октябре. Изд. Наше завтра (2025).



[Руслан Демичев 19 сен 2025 в 10:05](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич. Насколько обновился материал в анонсированной выше новой книге " Происхождение народов Кавказа" по сравнению с материалом по кавказцам в книге "Народы России. ДНК-генеология " , 2021 года издания.

[Анатолий А. Клёсов 19 сен 2025 в 10:33](#)

Уважаемый Руслан, это другая книга с другим материалом и соавтором-кавказцем, историком и лингвистом.

[Анатолий А. Клёсов 20 сен 2025 в 14:01](#)

Уважаемые участники,

На братском сайте ВК, на котором время от времени появляются сообщения "ДНК-генеология как историческая наука", сегодня было выставлено видео про сейминско-турбинскую археологическую культуру, или, как ее иногда называют, "горизонт". Видео было основано на недавно опубликованной статье "геномных популяционных генетиков", которую к научной отнести никак не могу. В качестве комментариев я выставил начало своей статьи с "разбором полетов", которая через месяц-полтора будет опубликована в Вестнике. Через небольшое время кто-то (из редакторов сайта, видимо), снял все мои комментарии, а заодно и само видео. Интересно, кто это мог быть. Если кто-либо из наших редакторов это установит, буду признателен. Это что, начало новой войны на том сайте?

Так вот, воспроизвожу, уже здесь, начало моей статьи. Оно покажет - в очередной раз - какова цена откровениям "геномных популяционных генетиков".

* * *

В начале августа 2025 года в журнале Nature вышла статья 71 авторов (!) под названием «Древние ДНК показывают предысторию уральских и енисейских людей». Главный автор в статье, как водится, Дэвид Райх из Гарвардского университета, а значит, статью можно уже не читать. Мы уже разбирали в Вестнике множество статей того же главного автора и его книгу, все статьи написаны как под копирку, язык всех тяжелый, вязкий, уклончивый, и причина этого совершенно понятна – сама методология «геномной популяционной генетики древнего мира» далека от научной, основана на «похожестях» геномов, изрубленных в капусту. Проблема в том, что все геномы *Homo sapiens* похожи на 99%, а то и больше, поэтому и изрубленные геномы столь же похожи друг на друга, и чтобы отделить 99% «похожестей» от <1% «непохожестей», популяционной генетики их «фильтруют»,

придумывая для этого разнообразные компьютерные программы, и далее предлагаемые компьютером результаты (всегда неоднозначные) опять оставляют на волю компьютера. Иначе говоря, речь идет о формальных компьютерных расчетах, опять всегда неоднозначных, по «методичкам», закладываемым популяционными генетиками.

В мире есть всего три главных автора-популяционных генетика, которые и штампуют подобные статьи – Reich (США), Krause (Германия) и Willerslev (Дания). В последнее время к ним присоединились еще пара-тройка «главных авторов» (из Китая, Кореи и совсем недавно из России), которые полностью используют те же подходы и программы, и публикация статей «как под копирку» продолжается с новой силой. Каждый раз в таких статьях – десятки, а то и сотни авторов, большинство из которых не имеют никакого отношения к «геномному анализу», возможно, некоторые предоставляли костные остатки из запасников музеев, но как в авторы попали остальные, например, Балановская, остается только гадать. Больше никого из ее учреждения в авторах нет, так что вопрос об экспериментальном участии оттуда снимается. Да в целом ответ ясен – набрали множество соавторов, чтобы продемонстрировать миру «количество штыков» под началом главного автора. А что, разве жалко – вставить несколько десятков «соавторов», зато у всех статью в Nature в резюме можно вставить, для получения грантов сгодится. Такая нынче «наука».

Показательно, что к статье есть Приложения, суммарным объемом в несколько сотен страниц. Наиболее капитальное Приложение занимает 275 страниц, из которых первые 175 страниц к геномам вообще не имеют отношения, это – развернутое историческое рассмотрение Сейминско-Турбинского феномена (СТФ) и археологического контекста множества захоронений от Балтики до Алтая, и далее. Дело важное и хорошее, если бы, конечно, оно не было основой для подгонки «геномных данных» под современные взгляды историков. А они в отношении СТФ очень противоречивы, поэтому подгонка шла под те «мнения», которые выбрали авторы статьи. Остальные 100 страниц данного Приложения – это изложение методов популяционных генетики, статистические расчеты, десятки таблиц и так далее. Гаплогруппы, как обычно, там и не упоминались, за исключением последних нескольких страниц Приложения, где одна гаплогруппа была упомянута два-три раза, причем выхвачена совершенно произвольно, только гаплогруппа Q. Кто-то из авторов так написал, это и включили.

Что хорошо – это то, что среди Приложений есть одно, в котором приведены 816 Y-хромосомных гаплогрупп и субкладов (в основном очень недотипированных, но и на том спасибо), собранных по литературе за последние 15 лет. Но они, повторяю, в статье практически не использовались, да и понятно, почему – большинство не имеет никакого

отношения ни к уральцам, ни к енисейцам, ни к сейминско-турбинскому феномену. Там и африканские гаплогруппы, и американские, и каких только нет. Поэтому это дает нам возможность самим рассмотреть часть этих гаплогрупп и сделать свои выводы относительно СТФ. Хотя бы потому, что это – крайне запутанный вопрос в современных исторических науках. Об этом – ниже.

Остановимся кратко на принципиальных различиях в «философии» статей «геномных популяристов» и ДНК-генеалогии. Главное в том, что популяристы исповедуют принцип «что вижу, то и пою». Их статьи содержат сплошь перечисление того, что они «увидели» и что показал компьютер. Это излагается в совершенно трудночитаемом виде, изобилует разнообразными сокращениями, изложение очень уклончиво. Если бы они рассматривали гаплогруппы и субклады/снипы, это позволяло бы проводить глубокие связи между историческими процессами и конкретными наблюдениями. Но «геномный анализ» такой возможности пока не дает, точнее, ее не использует. Поэтому статьи по «геномному анализу древнего мира» – это склад некоей информации, которую выдал компьютер. На этом исторический «анализ» заканчивается, и далее идет откровенная подгонка к «мнениям» историков. Поэтому и Абстракты в таких статьях неинформативны, там нет конкретных данных и выводов-заключений. Есть некие общие описания, опять, как правило, уклончивые. Мы это опять увидим ниже.

В ДНК-генеалогии «философия» противоположная. Мы рассматриваем описания исторических процессов и события со стороны историков как набор неких «мнений», большинство из которых по определению неверные. Поэтому мы не опираемся на «современное состояние представлений» со стороны историков, поскольку обычно его нет, или оно совершенно произвольное, видимо, отражающее всего лишь мнение некоего «авторитета в исторических науках». Мы проводим собственное расследование на основании гаплогрупп-гаплотипов-субкладов-снипов, и только затем сравниваем с тем, что предлагают историки. Если что-то совпало – замечательно, мы имеем взаимное согласование независимыми методами. Но это бывает редко. Если не совпало – мы проводим рассмотрение того, почему не совпало, в чем причина, какой становится картина древнего мира при привлечении новых данных и выводов ДНК-генеалогии. Примеров тому множество – это и опровержение «норманской теории», важной частью которой является якобы обилие скандинавов на Русской равнине в I тыс н.э., это и описание ариев как древнего племени (племен) исходной гаплогруппы R1a-Z645 с последующими сноп-мутациями в ходе последующих миграций, и таким образом выявление миграций ариев через цепь определенных археологических культур, и взаимоотношение между археологическими культурами по родовым принципам, и описание скифов как носителей (в основном или полностью) линии R1a-Z645-Z93-Z94-Z2123 (в сокращении),

и описание сарматов как носителей (в основном или полностью) линии R1b-M269-L23-Z2103, и многое другое.

Поскольку в рассматриваемой статье речь идет в основном о происхождении Сейминско-Турбинского феномена, который сам по себе в исторических науках весьма неопределен, нам в ДНК-генеалогии нет нужды переписывать «мнения» историков и археологов и вообще на них ориентироваться. Мы рассматриваем только общую канву этого «феномена», а именно что между Балтикой и Монголией, Алтаем, северным Китаем (в частности, Сынцзяном), Амурским регионом, Кореей и Японией, во временном интервале 2200-1900 лет до н.э. и позже, находят захоронения со сходными бронзовыми изделиями позднего бронзового века. Прародиной СТФ при этом некоторые считают Алтай. Вопрос – кто могли быть те люди? Переводя на язык ДНК-генеалогии, вопрос – могли ли те люди относиться к одной гаплогруппе, или это была «россыпь» гаплогрупп, и сам СТФ – это результат «диффузии» знаний и технологий разных племен. Ответ на этот вопрос и должен быть в Абстракте статьи, тем более с такими силами авторского состава, 71 автором разных специальностей.

Посмотрим на Абстракт статьи. Мы уже знаем из большого опыта рассмотрения статей по «геномной популяционной генетике», как у них выглядит типичный Абстракт. Во-первых, вместо того, чтобы сформулировать в нем важнейшие результаты и выводы исследования, какой Абстракт и должен быть, популяционной генетики вставляют в него то, что должно быть во Введении в статью. Во-вторых, никаких конкретных результатов и выводов популяционной генетики в Абстракт не включают, просто потому, что таковых у них нет. «Что вижу, то и пою» - это не важнейшие результаты и выводы». Читая хороший Абстракт – уже видишь, как исследование продвинуло науку, причем в конкретном виде. У «геномных популяционных генетиков» такого никогда нет. Именно потому, что от науки их «исследования» далеки.

Вот как должен был бы выглядеть их Абстракт, если бы они серьезно и со знанием дела рассмотрели данные ДНК-генеалогии по миграциям носителей гаплогрупп по Евразии, и наложили бы эти данные на карту находок сейминско-турбинского феномена по временам и территориям:

"Мы нашли, что сейминско-турбинский феномен во времена позднего бронзового века с максимальной достоверностью описывается миграциями носителей гаплогруппы R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124 с последующими сницами Z2124 → Z2122, Z2124 → Z2125 → Z2123 → Y934 и последующими, более поздними сницами, переходными между арийскими и скифскими сницами".

Вот и все, коротко и ясно. Обоснование к такому Абстракту дано ниже.

А что у «геномных популяционных генетиков»? У них такого и близко нет. Их Абстракт начинается с описания северо-евразийских степей, и что на протяжении тысячелетий между людьми там были «социокультурные связи», но их история «плохо понята». Это что, важнейший вывод статьи? Нет, конечно. Просто ментальная запрограммированность на «пропееденту», а не на свои результаты и выводы. То же и следующая фраза – «В частности, сегодня неизвестно геномное образование популяций, говорящих на уральских и енисейских языках». Тоже важнейший вывод статьи? Зачем это в Абстракте? Это – для Введения в статью. Далее в Абстракте идет сообщение, что авторы генерировали «широкогеномные данные» для 180 древних индивидов, которые жили «в этом регионе» (это где, в Северной Евразии? На Енисее? На Урале? – ААК), и показали, что охотники-собиратели со времен раннего до среднего голоцена «насобирали» непрерывный градиент предковости от полностью европейского на Балтике до полностью азиатского в трансбайкальском регионе. Замечаете полную неинформативность и уклончивость сообщения? Что эти «информация» дает? Прорыв в науке? А ведь именно это должен был дать авторский коллектив в 71 человек и статья в Nature. Уже третья часть Абстракта пройдена.

Далее – «Группы того же времени в Северо-Восточной Сибири произошли от популяции, которая была главным источником нативных американцев (то есть американских индейцев – ААК), которые затем смешались с популяциями материковой восточной Азии и амурского бассейна, что произвело две популяции, чье распространение совпало (во времени, видимо – ААК) с коллапсом популяционной структуры пре-бронзового века». Кто что понял? Ну, «главным источником нативных американцев» была, как известно, гаплогруппа Q, от нее произошли, понятно, тоже носители гаплогруппы Q, далее они с кем-то смешались, ну, допустим, смешались носители Q и C, только как это они «произвели две популяции», это каких же гаплогрупп? И это совпало с «коллапсом популяционной структуры». Опять, кто что понял? Что за «коллапс», тем более «популяционной структуры»? Так пишут тогда, когда сами ничего не поняли, а написать что-то надо. Половина Абстракта уже позади.

Дальше авторы, не отвечая, понятно, на вопрос, что за гаплогруппы были (или преобладали) у тех «двух популяций», используют свой птичий язык и сообщают, что это были (1) предковая популяция «цис-байкальская позднего неолита – бронзового века (цис-байкальская_LNBA)», которая «ассоциируется» (замечаете опять уклончивый термин?) с группами, говорившими на енисейских языках, и группами, которые смешались («примесность») с ними, а также (2) предковая популяция «якутская позднего неолита – бронзового века (Якутия_LNBA)», которая «ассоциируется» с доисторическими миграциями людей, говорившими на уральских языках. Те, кто имеют представление о ДНК-генеалогии,

видят, насколько уклончивы и неопределенны «положения» статьи. В ДНК-генеалогии нет «примесности», нет «ассоциируются», а понятие «смешиваются» относится только к наличию у определенной группы людей нескольких разных гаплогрупп, и то если только доказано, что эта группа обитала на одной территории в одно и то же время. Если времена разные, то это не «смешивание», они могут «смешиваться» только в захоронениях, а жили в разные времена.

Возвращаемся к Абстракту. «Мы показали, что люди Якутия_LNBA сначала распространились к западу от бассейна реки Лена примерно 4000 лет назад в Алтае-Саянский регион, и в западно-сибирские сообщества, ассоциированные с сейминско-турбинской металлургией – набором продвинутых технологий отлива бронзы, которые взрывным образом распространились из Алтая». Мы опять видим, что авторы следуют за (спорной) концепцией историков про место зарождения СТФ на Алтае, хотя это никак не относится к выводам «геномной популяционной генетики». Как и «продвинутое технологии», в ДНК они не записаны. Авторы это просто переписывают у историков.

«(Мы изучили) 16 индивидов СТФ периода, разнообразных в их предковости, и также обнаруживающих (особенности) ДНК, ассоциированных с индоиранскими скотоводами, а также с разнообразием групп охотников-собираателей». Как мы видим, изучали 16 скелетных остатков времен (!) СТФ, которые к тому же были «разнообразными в их предковости». Это были, видимо, носители гаплогруппы R1a, поскольку упомянуты «индоиранские скотоводы». Какое они имели отношение к СТФ, и имели ли, непонятно, или просто жили в те же времена. Важнейшие результаты исследования?

Абстракт заканчивается так: *«Таким образом, как культурная трансмиссия, так и миграция были ключевыми (факторами) в СТФ, который был задействован на начальной стадии распространения ранних сообществ, говоривших на уральских языках».* Кто-то впечатлен таким выводом? Кто-то возражает, что в сейминско-турбинском феномене играли роль как миграции (иначе как он мог распространиться от Балтики до Китая, или наоборот?), так и «культурная трансмиссия», которую кстати, геномные исследования не обнаруживают и обнаруживать не могут. То, что СТФ был задействован в распространении уральцев – это тоже геномные исследования обнаруживать не могут. То, что уральцы распространялись (мигрировали) – это геном отразить может, то, что это было под влиянием СТФ – не может, это уже популяционной генетики опять списывают у историков.

И причем там *«начальные стадии распространения ранних сообществ, говоривших на уральских языках»*, причем как *«ключевые факторы в СТФ»*? Так что тогда от Абстракта остается? Да практически ничего. А уж

диаграмм-то, таблиц – видимо-невидимо. И то, что авторов всего этого 71 человек – впечатляет.

У этой статьи в журнале оказались довольно жесткие рецензенты. Статья была отправлена в печать в сентябре 2023 года, вышла только в августе 2025, то есть почти через два года. Ее направляли трем рецензентам, и замечания и ответы авторов, и повторные замечания рецензентов и повторные ответы заняли 102 страницы текста, предоставленного журналом Nature.

Да, кстати, что там о «предыстории уральцев и енисейцев», обещанной в названии статьи? А ничего. Просто обычное пустословие «геномных популяционных генетиков». Более того, как вообще мыслилась эта «предыстория», в каких терминах? И в Абстракте об этом ничего нет, было бы что-то важное – отразили бы. А там – полное молчание, кроме однократного упоминания о том, что «геномное образование популяций» их остается неизвестным. Ну и что такое «геномное образование популяций», как это вообще представляется? А никак, опять обычное пустословие.

[Светлана Соколова 20 сен 2025 в 10:48](#)

Анатолий Алексеевич, здравствуйте! Скажите, пожалуйста, у славян гаплогруппа N1a1 или N1c1? Или и та и другая?

[Анатолий А. Клёсов 20 сен 2025 в 13:35](#)

Уважаемая Светлана,

Обозначение N1c (включая N1c1) было отменено в номенклатуре еще в 2016 году, то есть 9 лет назад. Любой, кто до сих пор применяет обозначение N1c или N1c1, является дилетантом, и не следует за современной номенклатурой, или не имеет о ней понятия. Славяне здесь не при чем, речь вообще о современных индексах гаплогрупп и субкладов. N1a1 - она и в Африке N1a1.

[Светлана Соколова 20 сен 2025 в 15:29](#)

Как раз в Вашей книге 2016 года и называется N1c1. Источник: Клёсов А.А. ДНК-генеалогия от А до Т.

У Литовцев и латышей с эстонцами гаплогруппа N с подробностями такая же как у нашего славянского русского рода или там далее идущие после N подробности из цифр и букв иные?

А почему отменили старую номенклатуру? Теперь все старые ролики с Вами и книги на свалку?

Только людей эта смена запутывает. Я ведь так сперва людям и написала, ориентируясь по видео, что N1a1 группа у балтов, потом сверилась с интернетом, подумала ошиблась, написала о своей ошибке, а оказывается это не я ошиблась, а раньше по другому обозначали .. Серьезные основания были для смены номенклатуры ?

[Анатолий А. Клёсов 20 сен 2025 в 15:51](#)

Для смены номенклатур всегда есть основания. Например, когда-то для гаплогруппы R1a было всего три субклада, а сейчас 740. Ну и как думаете, можно ли было называть по-старому? Телефонные книги тоже меняют, представляете? Только телефоны на свалку не отправляют, продолжают использовать. И девичью фамилию меняют на фамилию мужа, что, после этого Вас на свалку?

Прогресс в любой области сопряжен с изменениями названий, конструкций, и так далее, и ничего не на свалку. Те, кто книги читают и слушают видеоролики, те понимают, а если не понимают, то им всё равно. Жизнь вообще стремительно меняется, так и надо.

[Анатолий А. Клёсов 20 сен 2025 в 18:04](#)

Уважаемая Светлана, я ведь Вам уже все объяснил - в 2016 году индекс N1c1 был заменен на N1a1, а книга "ДНК-генеалогия от А до Т" была сдана в печать в 2015 году, когда N1c1 еще был "в законе", вышла в 2016 году. Что еще непонятно? Вы запутались потому, что не знали, что индексы меняются. Теперь знаете. Так и будете ходить по кругу?

>у славян гаплогруппа N1a1 или N1c1? Или и та и другая?

На этот Ваш вопрос я опять же ответил, что славяне здесь не при чем, индекс сменился у всех, не только у славян. И у марийцев, и у финнов, и у китайцев (у них миллионы носителей гаплогруппы N1a). А сейчас Вы, опять не поняв, пытаетесь доказать, что "славяне очень даже причем". Здесь, да будет Вам известно, не пытаются спорить, а задают вопросы. Поэтому та часть Вашего текста, где нет вопросов, снимается, оставляю только вопрос. Спам здесь не приветствуется.

Так вот, отвечаю на единственный вопрос, при литовцев, латышей и эстонцев. У них гаплогруппа N1a1 такая же, как у русских, и чем глубже субклады, тем больше они отражают специфику данной территории. Если у кого-то в Шауляе неделю назад образовался очередной сноп, то ясно, что он есть только в Шауляе, и только у одного человека. Понятно, что у русских такого нет и быть не может, потому что в Y-хромосоме 62 миллиона нуклеотидов, и вероятность, что у кого-то в России образовался

такой же снип, исчезающе мала. Другими словами, поверхностные снипы, которые образовались многие тысячелетия назад, уже разошлись по территориям, а глубокие снипы еще не разошлись столь же широко, поэтому у литовцев и русских различия в снипах тем больше, чем глубже снипы.

[Светлана Соколова 21 сен 2025 в 3:01](#)

Анатолий Алексеевич, из Вашей книги 2016 года:

«Сама формулировка «южно-балтийские» («славянские») и «финские» основывается на характерном виде гаплотипов»

и

«В Швеции две трети гаплотипов группы N1c1 имеют такой же вид, как и южно-балтийские, по сути славянские.. гаплогруппа N1c1 разошлась в итоге своей миграции на Балтику на две линии, одна финская и одна южно-балтийская, которая есть славянская, русская (на территории России), или польская, или литовская, или латышская (на соответствующих территориях)..».

Отсюда вопрос, скажите, пожалуйста, какие гаплотипы в цифрах и буквах и обозначают южных балтов (славян), то есть русских, поляков, литовцев и латышей, просто N1a1 это ж наверняка очень общее и не конкретное обозначение. Ну то есть Вы в книге 2016 года написали про расхождение гаплогруппы N1c1 (по старой номенклатуре) на две линии, вот обозначение русской линии, общей с литовцами и латышами меня и интересует. Мне необходимо это понять.

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 6:58](#)

Уважаемая Светлана,

Если, как Вы пишете, Вам необходимо понять, какие линии гаплогруппы N1a1 являются общими с литовцами и латышами, и выше упомянули еще эстонцев, то советую Вам самой это выяснить, это очень просто. В списке глубоких снипов гаплогруппы N1a1 (а Вам именно это нужно, а не поверхностные снипы) группы YFull

<https://www.yfull.com/tree/N/> приведены отнесения этих снипов к русским (RUS, 488 образцов), литовцам (LTU, 53 образца), латышам (LVA, 30 образцов), эстонцам (EST, 44 образца), ну, заодно и к финнам (FIN, 865 образцов). Там же есть и древние образцы, около них стоит age, так что если захотите углубиться в тему, то можете узнать, как давно эти снипы были на территориях литовцев, латышей, эстонцев, русских, финнов.

Вот и посмотрите, у каких снипов стоят и русские, и литовцы вместе, тоже и с латышами и эстонцами, и финнами. Тогда Вы действительно поймете ситуацию, а не просто кого-то выслушаете. И маленькую научную работу проведете.

[Руслан Демичев 21 сен 2025 в 3:37](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич. В книгах и медиапространстве сети очень много статей, видео, научно-популярных фильмов (причем, очень интересных) касающихся происхождения и миграций народов древнего мира. Вы постоянно разоблачаете попгенетиков, указывая на их ненаучную методологию и ложность их выводов. Но как нам, простым обывателям, интересующимся этим вопросом, отличить, что то или иное исследование - плод труда серьезных ученых а не попгенетиков?

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 7:34](#)

Уважаемый Руслан,

Обывателям это обычно и не нужно, они все равно целиком живут в мире ложной, предвзятой, ангажированной информации. Как, например, "простые обыватели" различают то же самое в вопросах политики? Экономики? Различают, кому на ток-шоу верить? Кому верить при знакомствах с женщиной? Мужчиной? А ведь в каждом случае есть принципы, которые работают, если не абсолютно, то с хорошей вероятностью распознавания фейков и обмана. Например, в отношении мужчин и женщин принцип простой - не связывайтесь с кем попало, раскрывайте душу и тело ответственно, постепенно, на что требуется время и интуиция, и немалая история данных конкретных отношений.

То же и при чтении научных статей и их "популярных пересказов". Обыватель им обычно безоглядно верит, хотя оснований к этому нет никаких. Но с другой стороны - а какая разница? Ведь жизнь обывателя от этого никак не зависит, это проходит "по касательной" и уходит вдаль. Но порой формирует мировоззрение. Если есть ощущение, что это важно знать, тогда надо вырабатывать принципы распознавания, насколько обоснованы результаты и выводы того, что читаете или о чем слышите по телевизору.

Вот именно это я и объясняю в своих статьях, научных и популярных. В том числе и о "геномной попгенетике", которая стала в последние годы вызывающим примером ненауки. Принципы формирования такого заключения довольно просты и наглядны - если стиль изложения вязкий, неопределенный, запутанный, витиеватый, это - красный сигнал. А у них всегда так. Если в Абстракте статьи сплошные неопределенности и банальности, если там фразы, которым место во введении к статье, если

там нет четких выводов и заключений, чему Абстракт и должен служить, это красный сигнал. А у "геномных попгенетиков" всегда так. Но это и общие принципы, не только у попгенетиков. Если статья утверждает, что "анатомически современные люди вышли из Африки", но никаких четких данных к тому не приводят, а все их "соображения" вокруг да около, это красный сигнал. А у попгенетиков "геномных" или нет, это всегда так. Если пишут, что арии прилетели с такой-то звезды 108 411 лет назад, это откровенный фейк, никто с такой точностью даты не определяет, а это именно так писал некто Левашов, который остается кумиром для части обывателей. То же и с "новохронологией", которой так верят доверчивые обыватели.

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 7:48](#)

Пример на ту же тему. Только что (в сентябре) вышло исследование "геномных попгенетиков" о древних славянах, якобы об их миграциях. Я написал "разбор полетов", который опубликовали на сайте "Переплет", как и многие мои статьи там <https://www.pereplet.ru/text/klyosov10sep25.html>. Откликнулся депутат Государственной Думы, историк по образованию, который написал мне следующее:

Спасибо огромное
Знаю это исследование
Был в шоке , когда читал
Чудовищная бессмыслица
Не хотелось бы впадать в теории заговора
Но ощущение такое что вал подобной каши создается специально для
борьбы с открывающейся истиной о западе
Они пытаются сделать отсрочку смерти западоцентризма

[Игорь Рожанский 21 сен 2025 в 9:13](#)

>И маленькую научную работу проведете.

При проведении маленькой научной работы нужно всегда учитывать сильно различающуюся активность уроженцев разных стран в тестировании. Наглядный пример - статистика, которую YFull разместили в разделе "Карты". Тройка лидеров в гаплогруппе N выглядит так:

Финляндия - 748,
Россия - 379,
КНР - 106.

Если пересчитать эти цифры в долю участников из гаплогруппы N по каждой из стран и умножить на численность мужского населения, то порядок изменится на обратный:

КНР - 38 миллионов,
Россия - 11,3 миллиона (только по русским),
Финляндия - 1,9 миллиона.

В Китае около половины участников приходится на специфический для Восточной Азии субклад N1b-F2905, но даже оставшиеся 19 миллионов из N1a перекрывают всех европейцев, вместе взятых.

Так что, разглядывая усеянные финскими и шведскими флажками ветви на схеме YFull, нужно понимать, что в реальности они очень малочисленные, но берут массой за счет очень высокой активности. Держите это постоянно в голове и не западайте на статистические перекосы.

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 9:20](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Светлана задавала другой вопрос, для ответа на который активность уроженцев не имеет никакого значения. Она спрашивала, какие линии являются общими для русских и литовцев, русских и латышей, русских и эстонцев. Какими бы ни были активности, ответ на этот вопрос очевиден при рассмотрении списка YFull. "Статистические перекосы" там не при чем.

[Игорь Рожанский 21 сен 2025 в 10:12](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, если Вы считаете, что я должен давать комментарии исключительно в тему заданного вопроса, то свое сообщения я удалю как не информативное. Согласны?.

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 10:39](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Вы задаете довольно принципиальный вопрос. На него я бы дал два ответа. Первый - когда Вы действительно отвечаете на заданный ранее вопрос, то это всегда приветствуется. Второй - когда Вы на заданный вопрос не отвечаете, а сообщаете нечто совсем другое, к заданному вопросу не относящееся. Тогда есть смысл так и сообщать, что, мол, к заданному вопросу это никак не относится, но хотел бы поделиться другой информацией, которая отвечает на другой, незаданный вопрос, а

именно одинаково ли представительство разных регионов (стран, этносов) в базах данных. Тогда это будет честно. Но, к сожалению, эти два разных подхода часто смешиваются, и только вводят людей в заблуждение. Так, Вы начали свой дополнительный комментарий так - "При проведении маленькой научной работы нужно всегда учитывать сильно различающуюся активность уроженцев разных стран в тестировании". При этом Вы процитировали мои первые пять слов, делая вид, что поправляете меня при ответе на заданный ранее вопрос. Это, к сожалению, Ваш типичный стиль. На самом деле в данном случае, как я уже ответил, активность участников там совершенно не при чем. Если у русских там 488 образцов (включая древние и некоторое дублирование), а у литовцев 53, то все равно видно, какие сипы у них общие, а какие нет. Для задавшей данный вопрос этого совершенно достаточно, и никакие поправки на количество образцов это не изменят. На мой взгляд, надо всегда ориентироваться на вопрос, который был задан. Это снимает потенциальные коллизии в ресурсе. Обычно коллизии возникают тогда, когда стороны говорят о разном, делая вид, что об одном и том же. Начинаются ненужные прения, что это о разном.

А что касается удаления сообщения, то не стоит, пусть остается в виде ответа на незаданный вопрос. Может, кому и пригодится.

[Алексей Репин 21 сен 2025 в 19:26](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Заранее извиняюсь, если это мне показалось, или ошибся за давностью лет. Вы где то писали (или говорили на Ютубе), что у Вас есть малоизвестные, но очень интересные данные по присутствию эрбинов на Ближнем Востоке, которые может быть опубликуете позже. Так ли это? Если да, то касается ли это Y группы R1-L51? Простите, что вопрос очень неконкретный.

[Игорь Рожанский 21 сен 2025 в 20:18](#)

Алексей, посмотрите мой обзор в «Историческом формате», выпуск 2 за 2022 год. <http://histformat.com/2021-02/>. Там есть ссылка на интерактивную карту ископаемой R1b. В слое «бронзовый век» есть (по памяти) 3 образца из Израиля времен поздней бронзы. Данные 2020 года. Возможно, появились еще, не следил пока.

Были эрбины во времена библейской книги Исход, но немного в сравнении с доминировавшей гаплогруппой J.

[Анатолий А. Клёсов 21 сен 2025 в 20:49](#)

Уважаемый Алексей, как понимаю, Вы спрашиваете про современных носителей гаплогруппы R1b на Ближнем Востоке. Да, они есть, по разным

базам данных их от 2% до 5% от общего количества носителей всех гаплогрупп. Данные интересные в том отношении, что у арабов найдено относительно много гаплогруппы R1b-V88, той самой, которая ушла из древней Европы на Ближний Восток и в Центральную Африку. В отношении количества - в списке YFull (глубокие субклады) насчитывается 268 современных носителей R1b в арабских странах, из них 139 - носителей R1b-Z2103, которых в древности нашли в ямной культуре (5300-4600 лет назад), и 84 носителя R1b-V88. Субклада R1b-L51 не припоминаю, думаю, что его у арабов не найдено, но в любом случае с L51 обычные проблемы недотипируемости. Нашли обычную R1b-P312, но при типировании остановились на предковой L51, так и записали. В таких случаях если нет звездочки L51*, то засчитывать такое нельзя. Звездочка означает, что нисходящие от L51 сипы искали, но не нашли при всем старании.

Более подробно про гаплогруппу R1b (и все остальные) в арабских странах описано в книге "ДНК-генеалогия арабского мира", которая выйдет на днях в изд. "Наше Завтра", Москва, при партнерстве с издательством Тион.

[Алексей Репин 22 сен 2025 в 17:36](#)

СПАСИБО!!! Да, действительно, есть в Ливане образец R1b-P312>L21>DF63 (1030-1161 calCE), в Израиле образцы R1b-L51>L52 (1600-1500 BCE) и R1b-M269 (1383-1128 calBCE).

К сожалению, они все намного моложе эрбинов Европы. R1b-M269 обсуждался в статье как возможный свидетель Хеттов... Правильно ли я понял, что Y гаплогруппы хеттов пока также не известны, как и для хаттов?

[Анатолий А. Клёсов 22 сен 2025 в 18:10](#)

Уважаемый Алексей,

Вы правы, это относительно (или совсем) недавние образцы - первый вообще времен Чингиз-хана, остальные два - середины и второй половины II тыс до н.э. "Возможный свидетель" - это несерьезно, я мог бы написать, что первый образец - свидетель Чингиз-хана, но, конечно, так делать не стал. Судя по Библии, хетты в Израиле были, вспомним хотя бы Урия Хеттеянина. Еще пример - по Библии Авраам купил пещеру Махпела (что означает "двойная пещера"), которую потом назвали Пещера Патриархов, в Хевроне, в которой, согласно Библии, потом были похоронены Авраам, Исаак и Иаков, а также их жёны Сарра, Ревекка и Лия. Эту пещеру Авраам купил у хетта Ефрона за 400 сиклей серебра.

Насколько мне известно, гаплогруппы хеттов и хаттов пока не идентифицировали. Поскольку хетты по представлениям лингвистов говорили на индоевропейских языках, то у них могла преобладать гаплогруппа R1a, "хотя это неточно".

[Анатолий А. Клёсов 22 сен 2025 в 18:21](#)

Если интересно, вот как это описано в Ветхом Завете (Бытие 23 глава). Обратите внимание на хеттов.

1 Жизни Сарриной было сто двадцать семь лет: вот лета жизни Сарриной;
2 и умерла Сарра в Кириаф-Арбе, что ныне Хеврон, в земле Ханаанской.
И пришёл Авраам рыдать по Сарре и оплакивать её.
3 И отошёл Авраам от умершей своей, и говорил сынам Хетовым, и сказал:
4 я у вас пришлец и поселенец; дайте мне в собственность место для гроба между вами, чтобы мне умершую мою схоронить от глаз моих.
5 Сыны Хета отвечали Аврааму и сказали ему:
6 послушай нас, господин наш; ты князь Божий посреди нас; в лучшем из наших погребальных мест похорони умершую твою; никто из нас не откажет тебе в погребальном месте, для погребения умершей твоей.
7 Авраам встал и поклонился народу земли той, сынам Хетовым;
8 и говорил им Авраам и сказал: если вы согласны, чтобы я похоронил умершую мою, то послушайте меня, попросите за меня Ефрона, сына Цохарова,
9 чтобы он отдал мне пещеру Махпелу, которая у него на конце поля его, чтобы за довольную цену отдал её мне посреди вас, в собственность для погребения.
10 Ефрон же сидел посреди сынов Хетовых; и отвечал Ефрон Хеттеянин Аврааму вслух сынов Хета, всех входящих во врата города его, и сказал:
11 нет, господин мой, послушай меня: я даю тебе поле и пещеру, которая на нём, даю тебе, пред очами сынов народа моего дарю тебе её, похорони умершую твою.
12 Авраам поклонился пред народом земли той
13 и говорил Ефрону вслух народа земли той и сказал: если послушаешь, я даю тебе за поле серебро; возьми у меня, и я похороню там умершую мою.
14 Ефрон отвечал Аврааму и сказал ему:
15 господин мой! послушай меня: земля стоит четыреста сиклей серебра; для меня и для тебя что это? похорони умершую твою.
16 Авраам выслушал Ефрона; и отвесил Авраам Ефрону серебра, сколько он объявил вслух сынов Хетовых, четыреста сиклей серебра, какое ходит у купцов.
17 И стало поле Ефроново, которое при Махпеле, против Мамре, поле и пещера, которая на нём, и все деревья, которые на поле, во всех пределах его вокруг,

18 владением Авраамовым пред очами сынов Хета, всех входящих во врата города его.

19 После сего Авраам похоронил Сарру, жену свою, в пещере поля в Махпеле, против Мамре, что ныне Хеврон, в земле Ханаанской.

20 Так достались Аврааму от сынов Хетовых поле и пещера, которая на нём, в собственность для погребения.

[Алексей Трухин 24 сен 2025 в 2:52](#)

Добрый день Владимир!

Надеюсь, Вас тут забанят, и правильно сделают, - не ту аудиторию избрали для проповеди... Как-то нелепо смотрится человек со своим уставом в чужом монастыре...

[Анатолий А. Клёсов 24 сен 2025 в 3:28](#)

Распрощались. Здесь не психиатрическое отделение.

[Марк Петров 24 сен 2025 в 9:35](#)

Какая повторяющаяся последовательность нуклеотидов в ДНК принимается за начало отсчёта в той или иной гаплогруппе?

[Анатолий А. Клёсов 24 сен 2025 в 11:05](#)

Уважаемый Марк,

Поскольку Вы говорите о гаплогруппе, то никакая последовательность не принимается. Гаплогруппу вообще определяет один нуклеотид, намного реже два нуклеотида. Там нет никакой "последовательности", кроме той, которая случайно оказалась рядом. Поэтому и никакого "начала отсчета" нет.

[Алексей Трухин 26 сен 2025 в 13:43](#)

Добрый день Анатолий Алексеевич!

Как в том анекдоте "...а мужики-то и не знают!": "Международная группа палеогенетиков провела первое комплексное исследование полногеномных данных более чем 550 людей, проживавших в VI -VIII веках н. э. в Восточной Германии, Польше, Украине и на Северных Балканах. Работа, опубликованная немецким Институтом эволюционной антропологии (EVA)... (<https://www.mpg.de/25256341/0827-evan-slavic-migratio..>)". И что характерно, ну, хоть бы намекнули на гаплогруппы! Каким "прибором" они в этих исследованиях славян определяли и отделяли их от германцев, как миграции вычисляли?

Уважаемый Алексей,

Разбор этой статьи "геномных попгенетиков" опубликован здесь: <https://www.pereplet.ru/text/klyosov10sep25.html>

Статья называется "«Масштабные миграции славян» в I тыс н.э. с точки зрения «геномных попгенетиков».

Гаплогруппы-субклады там как раз определяли, 257 образцов, поместили в Приложение, и в статье практически не использовали, а в тех редких случаях, что пытались использовать - напутали. Например, перепутали N1a1 с I2a. Вообще, как я не раз пояснял, "геномная попгенетика" состояния науки пока не достигла, и по причинам вполне понятным. Невозможно делать какие-то разумные выводы по усредненным сотням тысяч, а то и миллионам мутаций в ДНК, где перемешаны и усреднены мужчины и женщины, и все гаплогруппы, при этом основной операционный подход - это "похожести". В разборе статьи (см. выше) это в очередной раз показано.

В качестве примера - цитата из "разбора полетов":

"Единственное, что имеет смысл в этом разделе, это что авторы нашли, что лужицкие сербы Саксонии показывают 88% «предковости славянского периода» по сравнению с современными поляками. Понятно, это отражение гаплогруппы R1a, а точные числа все равно недостижимы при компьютерно-модельных «геномных» подходах. Правда, авторы зачем-то при этом пишут, что это подтверждает «генетическую изоляцию» лужицких сербов, и это в Саксонии (!), где проживают множество носителей гаплогруппы R1a. Культурную изоляцию – это известно, но только не «генетическую», при том, что «генетическая» - это гаплогруппа R1a, которая никакого отношения к генетике не имеет. На этом раздел в статье и закончился.

Следующий, он же последний раздел статьи, озаглавлен «Образование и происхождение предковости славянского периода». С самого начала раздел осypает читателя банальностями, знакомыми каждому, кто знаком с гаплогруппами. Эти банальности не имеют отношения к образованию славянства или его происхождению, они сообщают, что Балтика, Польша и Белоруссия имеют «самую высокую пропорцию гаплогруппы R1a», уточняя, что речь в первую очередь идет о R1a-M458 и (опять) R1a-M558. На самом деле на Балтике (видимо, имеют в виду Литву и Латвию, хотя на Балтике стран много) «самая высокая пропорция» отнюдь не относится к Литве и Латвии, там гаплогруппы R1a всего 40%, а вот в Белоруссии и Польше – 51% и 60%, соответственно. Кстати, России в этом разделе нет вообще, авторы решили ее во внимание не принимать, хотя в

фатьяновской культуре в России гаплогруппу R1a находят с датировками более 4000 лет назад, а доля R1a среди современного мужского населения составляет 51%. Далее, снип M558 – это CTS1211, нижестоящий от R1a-Z280 >CTS1211. Почему был выхвачен именно этот снип – непонятно, как непонятно и то, что несколько десятков соавторов это не заметили".

[Анатолий А. Клёсов 27 сен 2025 в 15:47](#)

Перебирая старые фото...



[Игорь Рожанский 27 сен 2025 в 17:03](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, снип M558 - это, очевидно, отсылка к статье 2015 года, в которой популяристы из Тарту дали первое систематизированное описание древа

Y-ДНК <https://genome.cshlp.org/content/25/4/459.full.pdf>

Снип M558 в той классификации был выбран в качестве терминального при построения древа R1a. В той же статье ввели альтернативную номенклатуру с обозначениями типа N3a4 или R1a5, которой до сих пор пользуются в Тарту.

Видимо, авторам из Лейпцига так удобнее, хотя «местечковой» эстонской номенклатурой они не пользуются. Если среди нескольких десятков соавторов были эстонцы, то они не только заметили, но и настояли на M558.

[Анатолий А. Клёсов 27 сен 2025 в 17:49](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Дело не в том, что они использовали синонимное обозначение снипа STS1211/M558, это обозначение принятое, оно и в списке YFull есть, и в списке ISOGG. Дело в другом - у авторов идет парой M458 и M558, как будто они на одном уровне. Как будто авторы принципиально избегают индекс Z280, который действительно на одном уровне с M458, и оба (M458 и Z280) образовались в одно и то же время, плюс-минус 100 лет (если считать по числу снип-мутаций). А STS1211/M558 - более поздний. Об этом было мое замечание. Снип Z280 в статье вообще не упоминается, что странно для статьи о славянах. Занятно то, что в обширном приложении к статье с гаплогруппами и снипами ни M458, ни Z280 вообще не упоминаются. А вот в Вашем списке, преобразованном из их Приложения, M458 и Z280 повторяются множество раз. Это что, авторы статьи свое неприятие этим снипам показывают таким образом?

[Игорь Рожанский 27 сен 2025 в 18:13](#)

Все верно. Они принципиально избегают Z280 как раз потому, что этот снип не использовали при построении древа в статье Karmin с соавторами 2015 года. С одной стороны, авторы пользуются ISOGG, с другой - по-прежнему в описании придерживаются давно устаревшей классификации. Мне еще пришлось потратить время, чтобы конвертировать аббревиатуры в таблице в нотацию YFull. При этом оказалось, что некоторые образцы «перетишированы» - специалисты YFull разместили их выше уровнем. Видимо, снипы читаются не настолько хорошо, как заявлено.

[Дмитрий-Юрьевич Ромашов 30 сен 2025 в 18:15](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Цитата из статьи "История такова, что в 2007 году австралийский профессор-антрополог Алан Биттлс сообщил, что его коллегами обнаружено в Северном Китае, провинции Gansu (народности Bonan, Dongxiang и Sala) и в провинции Liaoning (народность Hui) необычно высокие количества гаплогруппы R1a, составляющие от 18% до 32% от всех мужчин племени. Датировка гаплотипов которых показала, что их предок жил примерно 20 тысяч лет назад" (<https://ss69100.livejournal.com/4175714.html?ysclid=m..>). Что Вы можете сказать относительно возраста общего предка этих китайцев с R1a? Кто их общий предок? Откуда пришёл?

[Анатолий А. Клёсов 30 сен 2025 в 20:36](#)

Уважаемый Дмитрий Юрьевич,

Ответ на часть Вашего вопроса дан в цитате, которую Вы привели. Профессор Биттлс выслал мне около 20 лет назад примерно 40 гаплотипов, но в 5-маркерном формате, что в те времена было приемлемо, и сообщил, что все они гаплогруппы R1a. Глубокие снипы тогда никто не определял, в те времена было известно всего четыре субклада гаплогруппы R1a. Поэтому что получил, то получил. В этой серии было очень много мутаций, что показывало, что общий предок очень древний, так и получилось при расчетах - примерно 20 тысяч лет назад. В принципе, ничего невероятного в этом нет, поскольку гаплогруппа R1a образовалась примерно 24 тысячи лет назад, скорее всего в алтайском регионе, который примыкает к северному Китаю и к Синьцзяну, и там время от времени находят образцы R1a с необычными мутациями. Но поскольку снипы у них не определяют, то значимость всех этих находок в каждом случае зависит. Приходится ждать массовых проверок и перепроверок всех этих данных. Пока они, так сказать, в запаснике.

Это - обычная ситуация, так, 15 лет назад в Таримском бассейне Синьцзяна нашли большую группу мумифицированных людей, определили у них гаплогруппу R1a, снипы опять не определили, потом появилось сообщение китайцев, что это какие-то необычные R1a, но с тех пор все замерло. Если подтвердится, что это архаичные R1a, с общими предками порядка 20 тысяч лет назад, то подтвердится, что их "прародина" - алтайский регион, стык современной России и Китая. Если не подтвердится, то опять откатываемся на неизвестную "прародину". Нормальный ход.

[Дмитрий-Юрьевич Ромашов 1 окт 2025 в 18:38](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Можете назвать субклад общего предка китайцев про которых писал Алан Биттлс?

[Анатолий А. Клёсов 1 окт 2025 в 20:02](#)

Уважаемый Дмитрий Юрьевич, похоже, Вы второй раз не прочитали мой ответ. Советую прочитать.

[Игорь Рожанский 1 окт 2025 в 23:15](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич!

В своем ответе Вы не написали индексы снипов, определяющих субклад. Потому, наверное, последовал уточняющий вопрос.

До 2009 года в классификации использовали всего 2 снипа гаплогруппы R1a, а именно SRY10831.2, задающий уровень R1a, и M17, задающий уровень R1a1. Формально, были еще несколько снипов, нисходящих от M17, но в реальности их никогда не использовали.

Оба снипа давно изъяты из всех классификаций как нестабильные. Они могли не читаться в образцах, принадлежащих к гаплогруппе R1a, и, наоборот, давать ложный сигнал в других гаплогруппах. Сейчас используют другие эквивалентные им снипы, проходящие по всем строгим критериям.

Строго говоря, все выборки, в которых для гаплогруппы R1a использовали снипы SRY10831.2 и M17 (и никакие более) нужно обрабатывать с осторожностью из-за вероятности ложного отнесения. Показательный пример - таримские мумии, у которых в 2010 году определили снип M17, оказавшийся ложным.

[Анатолий А. Клёсов 2 окт 2025 в 5:08](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Мой ответ был советом о том, что надо быть внимательнее к своим же вопросам и моим ответам. Это повторилось дважды, что уже показывает систему. Первый раз задавший вопрос написал - "Датировка гаплотипов показала, что их (общий) предок жил примерно 20 тысяч лет назад". И тут же спрашивает - "Что Вы можете сказать относительно возраста общего предка этих китайцев с R1a?". Второй раз - я написал, что глубокие снипы у тех китайцев не определяли, и добавил - "поскольку снипы у них не определяют, то значимость всех этих находок в каждом случае зависит.

Приходится ждать массовых проверок и перепроверок всех этих данных. Пока они, так сказать, в запаснике. Это - обычная ситуация...". Поступает вопрос - "Можете назвать субклад общего предка (тех) китайцев?" Мне остается только повторить то, что я уже написал выше.

То, что Вы добавили, к вопросу по сути дела отношения не имеет. Я же написал выше - "в те времена было известно всего четыре субклада гаплогруппы R1a". Сейчас, кстати, в списке ISOGG их 740, в других списках (YFull, например) намного больше. Понятно, что те четыре субклада были очень поверхностными, почти все уже отменены, как Вы и написали. А поскольку глубокие снипы тогда не определяли, то никакой более конкретный ответ на то, какие были у тех китайцев субклады, никакого смысла не имеет. Именно это я написал в ответе - "Поэтому что получил (от профессора Биттлс), то получил".

Начинать это более подробно обсуждать, что Вы инициировали, просто раздувает совершенно простой и адекватный ответ, который был дан в самом начале. Точнее, ничего к исходному ответу не прибавляет, просто потоком полились электронные чернила. То, какие это были четыре субклада гаплогруппы R1a, я не раз рассказывал в этом ресурсе, и о том, какие из них отменили. Нет смысла это повторять, поскольку к исходному вопросу это опять же отношения не имеет.

[Игорь Рожанский 2 окт 2025 в 7:25](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич, был конкретный вопрос про субклад. В современном (начиная примерно с 2015 года) понимании субклад - это филогенетическая единица, характеризующаяся определенным снипом, что является частью обозначения, например, R1a-Z280. Посетители ресурса, строго говоря, не обязана знать, что и как было почти 20 лет назад.

Я перечислил снипы, что подразумевались в вопросе и прокомментировал их историю. Что здесь не так? Почему конкретный ответ на конкретный (пусть и неявно заданный) вопрос вызвал такой протест?

[Анатолий А. Клёсов 2 окт 2025 в 10:04](#)

Уважаемый Игорь Львович,

Протест, как Вы его назвали, вызван повторяющимися затягиваниями простых и ясных ответов на задаваемые вопросы. В виде якобы дополнений даются сведения, которые к исходному вопросу не относятся. И это повторяется опять и опять. Вот и в последнем случае - вопрос был о субкладе группы китайских гаплотипов. Я пояснил, что вопрос не имеет смысла, что их не определяли. И что вообще в то время их практически не

было. Вопрос исчерпан. Вы дали свой текст, но скажите, Вы ответили этим на поставленный вопрос? Нет, конечно. Вы не сообщили, какой там был субклад. Все остальное я уже пояснил. Теперь Вы продолжаете раздувать то, на что вопроса не было, требуете мой ответ, раздувание продолжается. Смысл?

[Андрей Игрунов 14 окт 2025 в 23:28](#)

Уважаемый Анатолий Алексеевич! Скажите, пожалуйста, принципы ДНК-генеалогии могут быть применены к любым биологическим видам? Понятно, что там другие скорости мутаций, другие константы и т.д. Например, в Википедии сказано, что родина сурка - Северная Америка, и оттуда он распространился через перешеек бывший на месте нынешнего Берингова пролива на территорию Азии и т.д. (типа "человек вышел из Африки"). То есть, возможно, с помощью ДНК-генеалогии учёные могли бы (если бы захотели) получить более точную информацию о миграции животных в далёком прошлом.

[Игорь Рожанский 15 окт 2025 в 9:11](#)

Андрей, пока Анатолий Алексеевич готовится ответить на вопрос, можете почитать мой очерк "Бременских музыканты". Он как раз о ДНК-генеалогии домашних животных <http://pereformat.ru/2016/05/bratya-grimm-dnk-genealo..> Не у всех, к сожалению, эта ссылка открывается, потому что сайт записан в старом формате http, а не https, и многие серверы блокируют доступ к нему из-за проблем с безопасностью.

[Анатолий А. Клёсов 15 окт 2025 в 9:15](#)

Уважаемый Андрей,

Да, конечно, применимы, поскольку у всех биологических видов есть ДНК, в ней происходят мутации, и есть свои аналоги гаплогрупп, субкладов и гаплотипов. Есть свои скорости мутаций, и это всё требует работы по их определению и применению. Накоплено уже немало количество данных по разным животным, пусть пока не на том уровне, как у людей, но работа продолжается.

[Андрей Игрунов 15 окт 2025 в 10:47](#)

Это замечательно что идёт такая работа! К сожалению, нигде ничего не попадалось в популярной форме по этой теме. Спасибо большое за ответ, Анатолий Алексеевич!

[Руслан Куркин 20 окт 2025 в 14:31](#)

Здравствуйте, Анатолий Алексеевич! В Вашей книге «50 Мифов исторических наук и "Альтернативной истории"» издательства "Наше завтра", на странице 468 сказано : ".. а сарматы гаплогруппу R1b" затем перечислено три гаплогруппы скифов и далее видимо досадная опечатка : "А сарматы - это носители гаплогруппы R1a-M269-L23-Z2103". В Содержании отсутствуют главы 44, 48 и 49, в самой книге перечисленные главы присутствуют. С Уважением!

Да, и будут ли новые Ваши видеоролики по теме ДНК Генеологии на yandex.ru/video/preview ?

[Анатолий А. Клёсов 20 окт 2025 в 20:34](#)

Уважаемый Руслан,

Благодарю за замеченные опечатки. К сожалению, это случается, хотя и не часто. Ошибку с гаплогруппой R1a-M269-L23-Z2103 (должна быть R1b) допустил в рукописи я, а поскольку верстки для перепроверки перед печатью в этом случае не было, когда присылают для сверки уже фактически готовую книгу, то эта ошибка неминуемо пошла в печать. Но это как раз мелкий недочет, потому что перед этой опечаткой было повторено, что сарматы - это гаплогруппа R1b, и любой, кто хоть немного разбирается в теме, а также те, кто в теме не разбираются, но читают внимательно, эту опечатку без труда увидят.

С содержанием ошибка хуже, потому что при просмотре содержания (а не при чтении книги) читатель просто не увидит названия трех важных глав. Их увидит только тот, кто читает, или внимательно листает книгу. Это ошибка уже не моя, я проверил свой компьютерный текст ("рукопись") и там все 55 глав числятся. И вот тут сыграла роль роковая ошибка издательства - это был практически единственный в моей практике случай, когда верстку книги не прислали, видимо, торопились, и я не смог проверить весь материал. Он "с колес" тут же пошел в печать. Если будет последующее издание - то исправлю то и другое.

Что касается новых видеороликов, то я их не отслеживаю, они часто растаскиваются в "пиратском" виде в разных копиях по разным сайтам. В том числе и на яндексе, как понимаю. Там явно не оригиналы. Все мои видеоролики с соответствующими линками размещены на моём сайте <https://www.anatole-klyosov.com/>, их там 272. К сожалению, Ю-Тюб многие ролики удалил, как правило, это происходило тогда, когда ликвидировали видеоканал, например, ДеньТВ был удален полностью, с моими роликами. Удалили все пять моих видеороликов на арабском языке (я выступал на канале RT, арабская редакция), со многими

миллионами просмотров, это было когда ликвидировали все видео RT. Удалили, например, мою дискуссию по ДНК-генеалогии с профессором-генетиком Сломинским, но это скорее удалили поггенетики, уж слишком там генетик дискуссию проиграл, и комментарии были безжалостными. Правда, видео спас Дзен, который сделал пиратскую копию, она на Дзене и осталась. Правда, уже без дискуссии.

[Lamral Kamal 21 окт 2025 в 7:53](#)

Здравствуйтесь, Анатолий Алексеевич!

Почему в научных работах носителей гаплогруппы R1a-Z93 чаще относят к сарматам? И можно ли утверждать, что часть аланов принадлежала к гаплогруппе R1b-Z2103?

Еще я как-то смотрел ваше видео-интервью с одним из блогеров, в котором говорилось об этнониме «лек» и упоминалось, что это означает «люди книги». К сожалению, видео было удалено с YouTube, и я не могу его найти. Может помните где его можно посмотреть?

[Анатолий Клёсов 21 окт 2025 в 11:44](#)

Уважаемый Lamral Kamal,

Мне неизвестны научные работы, в которых носителей R1a-Z93 относили бы к сарматам. Вам стоило бы привести ссылки на такие работы, чтобы было что обсуждать. Но если даже кто-то такое написал, я бы не удивился, фантазий в сети, а даже и в научных статьях хватает. Надо же ведь не просто написать, а привести обоснования, а вот с этим у фантазеров плохо.

Приведу выдержку из книги "55 мифов исторических наук":

"Все надежные данные по скифам говорят о том, что они в основном имели гаплогруппу R1a, а сарматы – гаплогруппу R1b. Точнее, скифы – носители гаплогрупп

R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-Z2123
R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2125-S23592
R1a-Z645-Z93-Z94-Z2124-Z2122

А сарматы – это носители гаплогруппы

R1b-M269-L23-Z2103

Все четыре цепочки снипов далее расходятся на нижестоящие снип-мутации. Иначе говоря, снипы и сарматы были разными племенами, и с максимальной вероятностью говорили на разных языках. Скифы продолжили Y-хромосомную линию носителей фатьяновской культуры (4900-4000 лет назад) с их арийскими/праиндоевропейскими языками, и далее срубной, абашевской, синташтинской, до ухода носителей последней в Индию, и продолжили эту линию до перехода как минимум до алтайского региона через карасукскую, тагарскую и таштыкскую культуры и с образованием южносибирских культур скифского круга. Сарматы же продолжили Y-хромосомную линию носителей ямной культуры (5300-4600 лет назад) с их неиндоевропейскими языками, как объяснялось в первых разделах настоящей книги. То, что скифы и сарматы якобы говорили на некоем скифо-сарматском языке, совершенно не согласуется с данными молекулярной истории. Совершенно ясно, что лингвисты, приравняв или сблизив скифский и сарматский языки друг с другом, исходили из необоснованных допущений, одно из которых обсуждается в следующем разделе настоящей книги".

>И можно ли утверждать, что часть аланов принадлежало к гаплогруппе R1b-Z2103?

"Утверждать" - это слово не из научного оборота. Утверждать мало, надо приводить конкретные данные. Мне такие для аланов, чтобы у них была такая гаплогруппа, не вспоминаются, хотя не может быть исключено, что кто-то из документированных аланов окажется носителем сарматской R1b-Z2103. Они же прошли по всему Кавказу, и оставили много потомков.

Что касается леков, они же лаки или лакцы, то в Вестнике Академии ДНК-генеалогии за последние 15 лет было много статей Р. Омариевой о языке леков в сравнении с шумерским и аккадским языками, а недавно была ее же статья о сопоставлении языка леков (и названий их населенных пунктов) с этрусками. На самом деле всех их объединяет гаплогруппа R1b (где показано, где предположительно), так что эти (агглютинативные) языки вполне могли перекликаться и у леков, и у шумеров, и у этрусков. Самоназвание шумеров Омариева перевела как "люди книги", опираясь на лакский язык, а вовсе не как "черноголовые", что с чьей-то подачи вошло в "мейнстрим". Перечень ссылок на статьи Р. Омариевой приведен в той же книге "55 мифов исторических наук и альтернативной истории" на стр. 303.

[Юрий Медведев 22 окт 2025 в 11:33](#)

С большим удовольствием читал Ваши книги и очень впечатлился исследованием потомков Рюрика. Однако, недавно натолкнулся в интернете на изучение останков Ивана Грозного - также одного из

потомков Рюрика. И его гаплогруппа вовсе не N1с или R1a, а E1b1b1b. Как такое может быть?

[Анатолий Клёсов 22 окт 2025 в 14:05](#)

Уважаемый Юрий, «натолкнулся в Интернете» - это не информация. Мало ли кто что написал. Если хотите задать вопрос - сообщите то научное издание, где Вы это прочитали. Дайте ссылку. Тогда поговорим. Если, конечно, будет о чем.

[Руслан Куркин 24 окт 2025 в 15:11](#)

На <https://www.anatole-klyosov.com/> роликов нет, так выдал браузер, текстовая страница с активными строчками часть из них ведёт на "страница не доступна", а разве на VK нельзя сделать отдельную тему с роликами или на том же пиратском яндексе?

По скифам вопрос: относятся ли захоронения европеоидов неолита 7-5 т.л.н на территории западного Казахстана к R1a? А захоронения европеоидов бронзового века 20 - 9 в.в. до н.э. на севере Казахстана к R1a - скифам? В Казахстане были найдены захоронения знатных людей или воинов с инвентарём и богато украшенной одеждой, есть перечень названий племён: 6-4 в.в. д.н.э. Аргипшеи и Аримасапы на севере, Исседоны на территории центрального Казахстана, Саки Парадарая, Татрахауда, Хаумаварга на юге, все ли они R1a - и относятся к скифам?

[Анатолий А. Клёсов 24 окт 2025 в 20:05](#)

Уважаемый Руслан,

1. Не знаю, что и почему выдал браузер, при клике на приведенный Вами линк у меня все открывается. [Anatole Klyosov's Web Page](#) Это - более 200 линков в конце сайта. Несколько из них не открываются, потому что были удалены Ю-Тюбом вместе с каналом, это в основном RT и День ТВ. Это я уже пояснял в этом ресурсе. Отдельную тему на VK и/или Яндексе сделать, конечно, можно, только пусть это делает тот, кто заинтересован. Линки в доступе.

2. В таком формате вопрос (по скифам) не принимается. Автор вопроса должен сам найти, есть ли ископаемые ДНК по всем перечисленным захоронениям, выявить их гаплогруппы-снипы, и только затем их привести и задать вопрос, скифы ли они. Тогда я отвечу, с какой вероятностью они скифы. Или сарматы. Или просто другие степняки.

(Продолжение следует)

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 188

Анатолий А. Клёсов
Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.
www.anatole-klyosov.com

LETTER 643

There are Indonesians who say that you said that the descendants of the Prophet Muhammad were in J1-L859. But in fact, King Saud and Muhammad bin Abdul Wahhab have a common ancestor with Nizar who is also an ancestor of the Prophet Muhammad.

The question is: is it possible that J-L859 is an ancestor of the Prophet Muhammad?

MY RESPONSE:

>There are Indonesians who say that you said that the descendants of the Prophet Muhammad were in J1-L859

It is not true. I have never said that. I have never singled out just one snip, J1a-L859. It is just one snip (SNP) in a chain of many snips

YSC0000234 > Z1884 > FGC11 > Y3014 > Y352943 > S21237 > Y4348 > Y4349/FGC1723 > Y6074 > **L859** > Y12869 > FGC10500 /Y12361

upstream of Prophet Muhammad, and all descendants of Ali Hazrat (not exactly Prophet Muhammad, as you know) must have all of them. It would be incorrect to single out only L859. The first three snips could have belonged to Prophet Abraham (they formed 4300, 4200 and 3600 years before present), and the last three snips formed 3200, 1600 and 1440-1400 ybp, respectively. Since each of them is determined with an error margin of at least +/-10%, so it is impossible to say exactly who had which snip, since it cannot be determined directly, only based on some approximation. These dates are based on a number of snip-mutations from the named snips to the present time, and in the above chain the number of snip-mutations are 30, 29, 25, 24, 24, 24 ... Those numbers might move up or down as results of more statistically justified data, however, the principal pattern will stay.

As you see, since L859 was formed 22 snip-mutations, or 3200 ybp, descendants of Ali must have many snips upstream and downstream of that, including said L859.

>is it possible that J-L859 is an ancestor of the Prophet Muhammad?

Of course it is possible. 3200 ybp was well before the Prophet Muhammad lifetime.

CONTINUATION:

But that still doesn't answer the connection between J-L859 and the Prophet Muhammad.

On the Adnan's family tree⁹⁸ the Tamim family and the Bani Hanifah family, represented by the Bani Saud, met in Nizar, as their common ancestor. Meanwhile, their common ancestors were also common ancestors of the Prophet Muhammad...

So, why is the common ancestor of the Banu Tamim and Banu Hanifah being not the common ancestor of J-L859 if this L859 is the ancestor of the Prophet Muhammad?

MY RESPONSE:

>But that still doesn't answer the connection between J-L859 and the Prophet Muhammad...

It does. According to the current knowledge, Prophet Muhammad, his father Abdullah, and Ali, son of Abdullah, as well as all their direct descendants have J1a-L859, along with downstream snips, since L859 formed ~ 3200 ybp (~ 1200 BC). As you know, Muhammad was born 1455 ybp (570 CE), ~ 1745 years after L859 was formed; Abdullah was born in 1479 ybp (546 CE), ~ 1721 years after L859 was formed. And Adnan, according to Arabic historians, lived ~ 3200 ybp, around the time when J1a-L859 was formed. However, that time also fits to at least Y4348, Y4349, and Y6074, not only L859. Anyone of them, or all of them could be appropriate to Adnan. I do not know why so many "genetic genealogists" grab only L859 as their main target in the Muhammad lineage.

As you see from the Adnan genealogy tree, neither Tamim nor Hanifah belong to the Muhammad lineage. They went off his lineage a long time ago, Hanifah from Nizar, and Tamim from Nizar > Mudar > Ilyas > Tabikhah > Udd > Murr. The Muhammad lineage split from Ilyas. And then it went as follows: Ilyas >

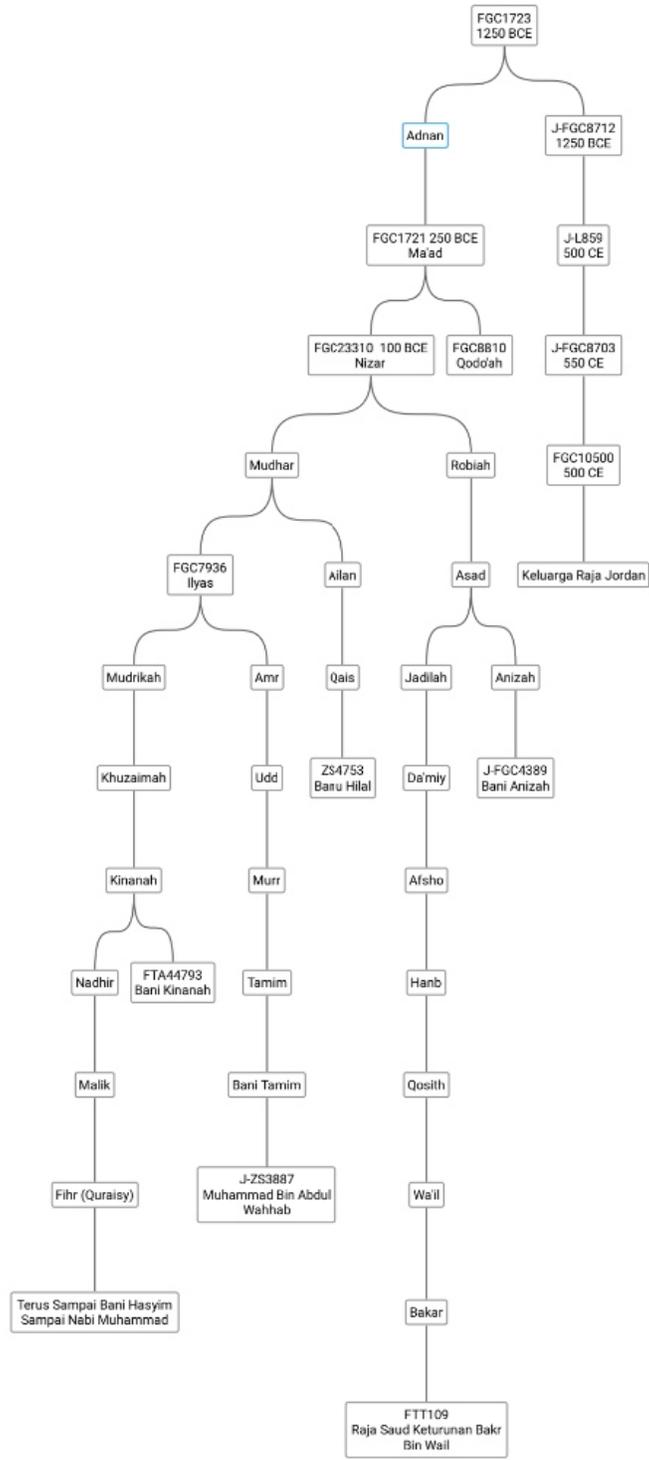
449449449449449449

⁹⁸ See the first paper in this issue of the Vestnik.

Mudrikah > Khuzamaih > Kinanah and so on, downstream to Muhammad. All of them, the lineages of Muhammad, Tamim, and Hanifah, seemingly have L859, however, the last two are not ancestors of Muhammad, not his forebearers.

CONTINUATION:

I mean, banu tamim and banu hanifah. It has a common ancestor named Nizar. Nizar is also an ancestor of Ali bin Abi Talib. Banu Tamim, Bani Hanifah and Bani Anizah meet at SNP FGC23310. Even though the common ancestor of Bani Tamim, Bani Hanifah, Bani Anizah and Ali bin Abi Talib is Nizar, why is FGC23310 not the common ancestor of L859?



MY RESPONSE:

>why is FGC23310 not the common ancestor of L859?

It cannot be an ancestor, because FGC23310 and L859 belong to two different lineages. They split from Y4349 (formed ~ 3200 ybp, that is around the Adnan lifetime).

S21237 > Y4348 > **Y4349/FGC1723** > Y10887 > Y5321 > Y5324 > Y5322 > Y9271 > **FGC23310**

S21237 > Y4348 > **Y4349/FGC1723** > Y6074 > **L859** > Y12869 > FGC10500 > FGC30416

J1a-L859 went to Muhammed and Ali, but FGC23310 went other way.

Your principal mistake is that you take stories and make them equal with facts. SNPs are facts (though they can be modified in the future), stories are not facts, they were invented by wise people in the past. They had employed a different methodology, not DNA Genealogy.

By the way, the chart shown above, which you sent to me, is incorrect, at least in some fragments. It shows that L859 was formed 500 CE, when data show that it was formed 22 snip-mutations back, that is $(22 \times 144 = 3168)$, or approximately 1200 BC. This might be a root of many misinterpretations.

CONTINUATION:

Meanwhile, the Prophet Muhammad himself clearly stated that he was from the Quraysh tribe and a descendant of Nizar son of Ma'ad son of Adnan. And many other Adnan descendants have already been DNA-tested: Banu Anizah, Banu Rabiah, Banu Tamim, Banu Makhzum, etc.

Banu Makhzum are from the exact same Quraysh tribe as Sayyidina Ali, and they all cluster at FGC23310.

Yet! J-L859 is being loudly claimed as the ancestor of Sayyidina Ali.

So why is L859 completely disconnected from all the other Adnan branches? No overlap at all?

Are you implying that Ali and Muhammad are NOT descendants of Adnan and Quraysh?

MY RESPONSE:

You continue to go in circles. Apparently, you cannot realize that the chart above shows many branches, each of them carry the first snip Y4349/FGC1723, which apparently Adnan had, and then, downstream, other snips were formed, different in each branch. Furthermore, that chart is grossly incorrect, since it

shows L859 and FGC10500 belong to the branch, not leading to Muhammad and Ali. I suggest you to throw away that chart and never use it.

>Are you implying that Ali and Muhammad are NOT descendants of Adnan and Quraysh?

I have never said it. Where did you get it?

>the Prophet Muhammad himself clearly stated that he was from the Quraysh tribe and a descendant of Nizar son of Ma'ad son of Adnan.

I have never questioned it.

It does not matter if some names belonged to "the exact same Quraysh tribe", tribes do not define snips. The same tribe includes other lineages, and even other haplogroups, such as J1a and R1a, the latter came to Quraysh tribe by other ways, apparently through marriages of R1a bearers to daughters of Quraysh men with J1a. So, their sons were already R1a, not J1a.

Your vision, unfortunately, is a very "linear", or "a tunnel" vision. You seemingly cannot grasp the complexity of multi-branch genealogy, as in the case of Adnan and his descendants. What I mean by "not facts" above is that some names can be mistakenly ascribed to other branches of that genealogy, particularly if one cannot explain their snip pattern. So far, the lineage of Muhammad and Ali, and upstream is defined properly, as I see. I have never questioned it.

Let's stop this correspondence. I am tired of continuing to explain obvious things. Particularly when you become rather agitated. Those things were removed from your texts.

Take care.

CONTINUATION

I'm truly sorry, sir...

I have never claimed that Banu Tamim or Banu Hanifah must carry L859. What I mean is this:

Banu Tamim, Banu Makhzum, Banu Hanifah, Banu Anizah, and all the other Adnanite tribes share a common (grand)father named Nizar, who is also the ancestor of the Prophet Muhammad and Ali.

In the Y-DNA tree, that common (grand)father Nizar is represented by the SNP FGC23310. If FGC23310 truly corresponds to Nizar – the shared ancestor of

Banu Tamim, Banu Hanifah, and all the other Adnanite branches, including the direct ancestral line of the Prophet—then L859 (which is said to define the specific lineage of Ali and Muhammad) should logically be downstream of FGC23310. In other words, the Muhammad/Ali line carrying L859 should also carry FGC23310 as its upstream marker. So my question is: why does L859 appear to have no parallel cousins or sister clades at all from the other Adnanite tribes/branches? I would greatly appreciate your explanation. And please forgive me if my previous tone came across as too aggressive.

My comment: I did not respond to the last letter, because our correspondence gradually became waste of time. The author continued to make wrong statements, such as FGC23310 belonging to Nizar, when FGC23310 was formed only 2200 ybp, a thousand years after the Nizar lifetime, placing L859 to the same lineage as FGC23310, despite my explanations, etc.

LETTER 644

There is a genetic genealogy researcher Scholar Dr Syed Hadi Yahya Amili of Lebanon who does genetic scientific research and interprets the BIG Y DNA haplogroup results of the world's most advanced and biggest DNA testing laboratory. He has claimed that Prophet Ibrahim alai his salaam (Abraham), Prophet Ismail salaam (Ishmael) and the last prophet Muhammad صل الله عليه و على آله و بارک و سلم, were all having Y DNA haplogroup J1.

He has tried to prove that only those living male sayyid claimants who tested positive for BigY DNA Haplogroup J1-FGC10500 are the genuine true direct biological y chromosome paternal descendants of Holy Imam Ali bin Abi Talib alai his salaam.

Is it indeed so?

MY RESPONSE:

I have explained the origin of J1a and R1a in biological descendants of Holy Imam Ali bin Abi Talib alai his salaam in my book "DNA genealogy of the Arab World" (in Russian), which came out a few days ago. If someone translates the book to Arabic, it will be available for a large readership. The book contains in-depth consideration of haplogroups, SNPs and haplotypes of Arabs, Indians, and Russians which largely overlap at R1a haplogroup.

CONTINUATION:

Respected Professor, I think you believe that Hazrat Ali and his holy descendants are J1-FGC10500? And all other Quraysh are R1a?

But you also didn't address this mystery that till today as per the bani hashim quraysh y dna family tree group project administered by dr hadi yahya amili of Lebanon there is yet no Rizvi or Taqavi or Naqavi sayyid yet under J1-BY49997.

And dr Hadi amili considers J1-BY49997 as Y dna haplogroup of holy Imam Jaafar al Sadiq. In fact, there are only extremely few Jaafaris as per dr Hadi amili probably just a couple of moosawis kazimis but not even a single rizvi or taqavi or naqavi in whole world???

MY RESPONSE:

>I think you believe that Hazrat Ali and his holy descendants are J1-FGC10500?

Please define "descendants". Male only or female as well, or males married to descendant females. Descendants of Hazrat Ali on direct male lines carry the same haplogroup and subclade (with downstream SNPs) as Ali had, that is a whole chain of snips, including J1a-FGC10500/Y12361.

>And all other Quraysh are R1a?

Please define "all other". Certainly, ALL Quraysh have not been tested yet. So why do you say "all"? From the data I saw and considered, many Quraysh people have J1a and many of them have R1a haplogroup. And I do not see any scientific problem here. See more details below.

>But you also didn't address this mystery that till today as per the bani hashim quraysh y dna family tree group project administered by dr hadi yahya amili of Lebanon there is yet no Rizvi or Taqavi or Naqavi sayyid yet under J1-BY49997.

I do not see any mystery here. Why should they be under J1a-BY49997

FGC10500 > FGC30416 > BY49997

if they are not direct descendants of Imam Ali or anyone in that lineage? You did not mention which haplogroup they do have, what if it is R1a? Or, say, J1a-FGC23310, which belongs to a different branch of J1a?

Frankly, I do not care what other people say. I need data, not general mentioning.

>And dr Hadi amili considers J1-BY49997 as Y dna haplogroup of holy Imam Jaafar al Sadiq.

So what? See above. Does he "consider", or does he **know** the test result?

>In fact, there are only extremely few Jaafaris as per dr Hadi aamili probably just a couple of moosawis kazimis but not even a single rizvi or taqavi or naqavi in whole world???

So what? See above. Please operate with data (haplogroups, snips, haplotypes), not with general questions without presenting the data.

LETTER 645

Hello, I would like to ask about the haplogroups of the Rurikid dynasty, I have done quite a bit of research on the topic and then I came across your name a few times. I do not speak Russian, and I'd like to hear what the truth is about his ancestry, because I hear that you are in the "anti-normanist" camp, I am very unfamiliar with population genetics so if you could explain that would be excellent.

Thank you!

MY RESPONSE:

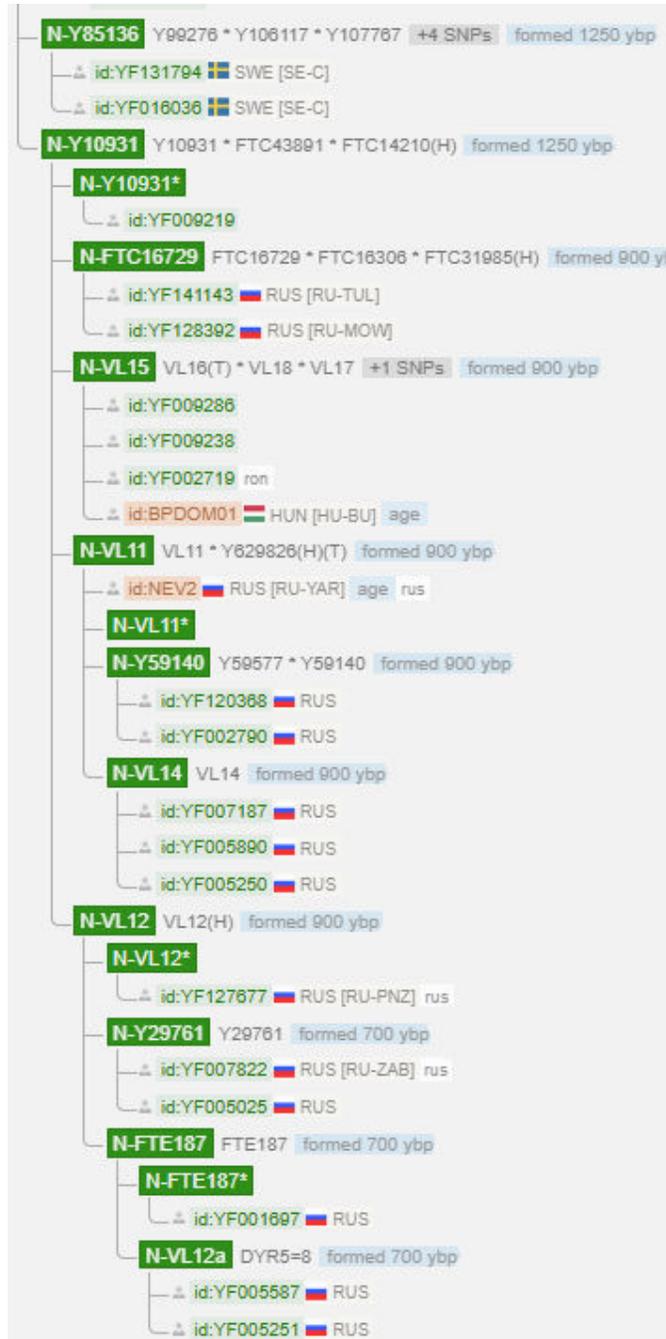
What "truth" would you like to receive? Since you have done quite a bit of research, you apparently know a sort of a principal question you aim at.

Well, you know that "official Rurikids" split in their haplogroups. There are 11 of N1a1, 8 of R1a, and I of I2a-Y3120. Those of R1a and I2a are not-existent in Scandinavian countries, so "normanists" do not even touch them, it is a lost cause for them. That is why they consider only N1a1 Rurikids and claim that they (their ancestors) originated from Sweden. However, this does not have any base, look at the attached.

As you see, all known Rurikids who ran DNA-analysis, form a compact branch in their N1a1 group. There is not a single Scandinavian among them.

Is that what you wanted to see?

Frankly, I do not see any element of proof in normanist views. I see only distortions, fantasies, fuzzy 'interpretations', which are based on some suppositions and assumptions. In 2013, 13 years ago my book was published "DNA Genealogy Against the Norman Theory". It was re-published many times, became a best-seller, and in that book I gave detailed data and various DNA presentations, DNA trees, etc., and showed that there is no room for "Norman Theory". A couple of years ago another book was published, "Myths of Norman Theory", by me and Lidia Grot, a professional historian. It is indicative that none of "normanists" ever challenged either of the books.



If you have questions, please shoot.

CONTINUATION:

Thank you for the response. I once again apologise for my ignorance on the subject but I keep seeing people talking about a vague "Scandinavian branch" of the N1c haplogroup, that which the Rurikids belong to, and then provide

close "cousins" to Rurik that are based in Sweden or Finland, but I have no real clue how to interpret this, something about it just seemed vague and or poorly defined.

A lot of it seems to come back to this PDF that is thrown around a lot, but I am still unsure how to read it properly, I thought I had a good idea but I am not sure.

<https://www.alkuperasivusto.fi/Rurikid.pdf>

Also, one more thing, I had also researched that N-Y10931 had broken off of a clade from Sweden or that the one that precedes it is a Swedish one, therefore confirming the "Varangian" origins of him, but I am still unsure.

MY RESPONSE:

I sent you the Y10931 diagram. Where do you see there Swedish samples?

CONTINUATION:

Ah, I did not see any Swedish samples there, however I looked at the clade that it broke off from, which was from N-Y10933, which broke off from N-Y4339, which is from my understanding is the "evidence" that he could be Scandinavian, though I wanted to hear your perspective on this.

MY RESPONSE:

Snip Y4339 arose 2600 years ago. We talk about 9 century AD and later. Then what you mention are side branches, they cannot be ancestors of Rurikids. Using your logic, there is not any "Scandinavian" origin, all N1a1 came from Urals.

I suggest wrapping it up. I have heard all of it hundreds of times. Remember, that I call about either ignorance, or deliberate distortions? There is no point discussing either one.

CONTINUATION:

I will wrap it up, I apologise for asking questions you've probably been bombarded with for years but thank you for your time.

For a final understanding, Y4339, which I only brought up because it was apparently where Y10931 derives from, stayed in Russia/Baltics but also went to Scandinavia and that the Rurikids derive their ancestry from the clade that stayed, yes?

To be clear, I had only brought up Y4339 just because I found out that it was the predecessor to N-Y10933 and then therefore, Y10931, and it said that a good portion of the descendants of that haplogroup were Swedish, but also in smaller numbers Russians, Finns, etc. I wasn't just including it for no reason, I just thought that ultimately, the clade Y10931 was born out of the other clade, Y4339.

Thank you, apologies for being unclear.

MY RESPONSE:

You are right, I was bombarded with those questions, assumptions, suppositions, fantasies, etc. for 15+ years. All those questions, etc., were similar in the same way - people who addressed them never talked directly, they never presented data. They always talked generalities; they refer to something like "they said". Look up at your style, it is the same: "it said that a good portion of the descendants of that haplogroup were Swedish". Why would you not list those "Swedish", with their names, haplogroups, subclades, SNPs. I, being a scientist, need FACTS, DATA, not empty words.

Take care,

Anatole Klyosov
