Клёсов А.А.: «Народы России. ДНК-генеалогия». Рецензия

Светлана Боринская

На сайте «Биомолекула» опубликована рецензия д.б.н. Светланы Боринской на последнюю книгу А.А.Клесова. Пеперечатываем материал с разрешения автора и редакции сайта.

Книга А.А.Клёсова «Народы России. ДНК-генеалогия» (издательство «Питер», 2021) представляет собой фэнтези на историческую тему, замаскированное под научное исследование. Книга полна фактических ошибок и псевдонаучных рассуждений, которые вводят в заблуждение читателя. Автор позиционирует себя как открывателя новой науки — ДНК-генеалогии — и использует ряд демагогических приемов, пытаясь отмежеваться от достижений и критики генетиков, историков, лингвистов и специалистов других областей науки. Рекомендуется использовать в социологических исследованиях по теме «Почему лженаука популярна у части населения».

Книга А.А.Клёсова «Народы России. ДНК-генеалогия» с подзаголовком «Детальное исследование 190 народов» вышла в 2021 году в издательстве «Питер». Как утверждается в аннотации, автор исследовал «*когда жили общие предки каждого рода в составе современного народа, откуда и когда они пришли на данную территорию, по возможности — какие археологические культуры были созданы предками этого народа*». Книга содержит 800 страниц, 142 таблицы и иллюстрирована 249 рисунками, часть которых дублирована на цветных вклейках.

От книги с таким названием можно было бы ожидать сопоставления установленных по генетическим данным путей и дат расселения предковых популяций с историческими данными о формировании народов. И в этом случае она была бы интересна и полезна. Однако автору удалось сделать книгу сборником историй, в которых датирование по его собственной методике времени появления гаплогрупп на основе накопления мутаций в ДНК — лишь «гарнир», а суть составляют изобилующие многочисленными несуразностями интерпретации, в которых биологическим процессам присвоены культурные ярлыки. При этом утверждения автора идут вразрез с многократно выверенными результатами исследований генетиков, лингвистов, историков, этнологов.

Изучение истории человечества и отдельных народов всегда привлекало огромное внимание самых разных слоев публики. Огромный вклад в формирование современных представлений в этой области внесли методы датирования событий на основе радиоизотопного анализа, глоттохронологии и генетических методов. Все эти методы построены на общем принципе датировки по накоплению изменений во времени (превращения одного изотопа в другой, замены слов в базовом словаре, накопления мутаций в ДНК) и, в отличие от использовавшихся ранее методов, дают абсолютные, а не относительные датировки. Исследование генетического разнообразия человека на основе анализа ДНК и датировка событий популяционно-генетической истории ведется генетиками с 1980-х годов, а сам принцип датировок по накопленным изменениям в аминокислотных, а позже и в нуклеотидных последовательностях (метод «молекулярных часов») был предложен в 1960-х годах. В основе его лежит представление, что чем больше поколений отделяет два организма от их общего предка, тем больше мутаций накопилось в их геномах. Сначала исследовали мутации в митохондриальной ДНК, передающейся по материнской линии, позже — в более сложной Y-хромосоме, которая передается от отца к сыну. Сейчас такие исследования ведутся на уровне полных геномов. Для всех этих генетических систем оценивают различия индивидов по накопившимся мутациям, которые маркируют появление различных генетических линий в родословной человечества. Такие линии называют гаплогруппами.

Автор книги А.А.Клёсов позиционирует себя как первооткрывателя новой науки ДНК-генеалогии, которой занимается с 2008 года. Как и в его прежних публикациях, здесь повторяется заклинание о том, что ДНК-генеалогия является разделом химической кинетики потому, что формулу из химической кинетики для расчетов скоростей превращений одних веществ в другие А.А. Клёсов применил для вычислений, связанных с накоплением мутаций в Y-хромосоме, и на основе этого датирует появление гаплогрупп. Он заявляет, что по этой причине генетики не должны рассматривать или критиковать ДНК-генеалогию. Но такая же формула используется много где — например, в лингвистике и в описании процессов радиоактивного распада. Нужно ли поэтому назвать ДНК-генеалогию разделом лингвистики или радиологии?

Сам используемый А.А. Клёсовым метод датировок вполне приемлем, хотя имеет определенные ограничения в применении (которые автор не рассматривает). Полученные датировки автор книги сопоставляет с историческими событиями и делает смелые заключения о том, носители каких гаплогрупп в них участвовали. Хотя научные исследования в этой области ведутся во взаимодействии генетиков, лингвистов, археологов, этнологов уже многие годы, в рассматриваемой книге они лишь загримированы под научные, но таковыми не являются. Главное в этом — произвольные изменения смысла принятых в науке терминов, путаница между биологическими и культурными понятиями, неразрешимые противоречия в собственных формулировках, наклеивание этнокультурных ярлыков на гаплогруппы и создание ложной картины исторических процессов.

Для своих собственных расчетов автор книги использует данные из научных публикаций генетиков и генетических баз данных. Однако когда берется пересказывать содержание научных статей, пропускает существенные детали исследований и регулярно вносит в пересказ то, чего в них не было. Поэтому получить представление о том, каково состояние научных исследований в обсуждаемой области, по описаниям в книге невозможно. В большинстве случаев автор книги либо обходит молчанием их существование, либо искажает.

Книга слишком велика, чтобы отнести ее к жанру эссе; в каком-то смысле она близка к фэнтези, поскольку содержит описание некоторых мифических сущностей и не имеет никаких следов научной редактуры. К тому же книга изобилует фактическими ошибками и несуразными интерпретациями. Рассмотреть их все в формате рецензии не представляется возможным, можно лишь привести отдельные примеры, показывающие характер изложения, и некоторые идеи, которые легли в основу книги, однако многие из них приходится отнести к лженаучным.

Книга состоит из 4 частей. Часть 1 «Народы России, их родовая структура и история миграций» начинается с введения, в котором в разделе «Определение понятий» упомянуты некоторые понятия ДНК-генеалогии и охарактеризованы 4 части книги. Список понятий с их определениями дан гораздо дальше, в главе 3 части II, под названием «Глоссарий терминов ДНК-генеалогии». Среди упомянутых во введении понятий описаны гаплогруппы Y-хромосомы, которые автор называет «родами». Такое название характерно для всех трудов автора книги и вводит читателя в заблуждение. Род — это понятие этнологии, обозначающее одну из форм социальной организации. Представители рода возводят свое происхождение к общему предку по отцовской или материнской линии, что в части случаев соответствует исторической реальности, а в части случаев — нет. Там, где родовая организация существует, мифологичность предка не мешает людям считать себя принадлежащими к одному роду. Но называть родом гаплогруппы, оставляя читателя в недоумении, где речь идет о гаплогруппе, а где — о социальной организации, это как в старом анекдоте хранить сахар в банке из под какао, на которой написано «соль».

Такая терминологическая путаница ведет к смешению понятий культурного и биологического (генетического) наследования, что автор книги неоднократно демонстрирует. Да и вообще совершенно неясно, зачем использовать дополнительный термин, когда уже есть название — «гаплогруппа», которое множество раз упоминается в книге, смысл которого довольно внятно разъяснен и о котором сам автор пишет: «*понятие „гаплогруппа“ эквивалентно понятию „род“ в ДНК-генеалогии*». Эта путаница понятий и самого автора приводит к утверждениями, которые выглядят абсурдными. Так, на стр. 136, обсуждая гаплогруппы R1a и N1a1 и их распространенность у славян и «*уральских по происхождению*» народов, он пишет: «*за пределами Русской равнины и прилегающих регионов РФ все эти гаплогруппы уже не являются, как правило, ни славянами и ни уральцами*». Возможно, читатель в этом обороте увидит гаплогруппы в косоворотках и с балалайками или в иных национальных костюмах… Видимо, чувствуя абсурдность таких формулировок, автор далее пытается защититься от критики словами «*обвинители всегда найдутся…*».

Приравнивание гаплогруппы к роду основано у автора на представлении, что все потомки мужчины живут и кочуют вместе с ним в одной общине, подразумевая, видимо, что Y-хромосомы всех мужчин какой-либо древней общины относились к одной гаплогруппе. Но это далеко не самоочевидное предположение. У большинства млекопитающих именно самцы отселяются из родительской группы, что, помимо прочего, обеспечивает избегание инбридинга и некоторые другие эволюционные преимущества [1]. У человека встречаются различные типы поселения после брака, которые описаны этнографами и которые включают патрилокальное поселение (молодые живут с родителями мужа), матрилокальное поселение (переходят жить к родителям жены), уксорилокальное (должны жить вместе с родственниками жены, а именно — с братом ее матери), билокальное (или у родителей мужа, или у родителей жены), неолокальное (на новом месте). Тип брачного поселения зависит от многих факторов — традиций счета родства, угрозы нападения на общину, типа экономики общества. Поэтому заведомо считать, что во всех обществах прошлого сыновья оставались жить с отцом в одной общине, и Y-хромосомы всех членов общины относилсь к одной гаплогруппе, нет никаких оснований. А если у автора есть какие-либо основания для таких утверждений (помимо фэнтези), то их следует привести в явном виде, чего в книге не сделано. Другой аспект — это расстояние, на которое отселяются мужчины, т.е расстояние на которое распространяются гаплогруппы вместе с носителями соответствующих Y-хромосом. Этот вопрос постоянно обсуждается в исследованиях генетиков, и геногеографические карты распространения гаплогрупп можно найти в различных научных статьях. Но никому и в голову не приходит называть «родом» всех, расселившихся по более или менее обширным территориям, потомков тех мужчин, в Y-хромосомах которых когда-то возникли мутации, давшие начало новым гаплогруппам. Хотя для отдельных обществ, где родовая организация актуальна, по гаплогруппе можно даже установить фамилию. Но это не является общим правилом, которое следует распространять на все времена и общества.

Столь же неясно, зачем носителей гаплогруппы R1b автор называет выдуманным термином «эрбины». А носителей гаплогруппы R1a — существующим термином «арии», указывая: «*Около 6 тыс. лет назад один из носителей гаплогруппы R1a приобрел в своей Y-хромосоме снип R1a-Z645, который в наше время получил наименование „арийский“*» (стр. 14). Автор скромно умалчивает, что арийской гаплогруппу R1a наименовал именно он, и в научной литературе такая путаница между этнокультурными и биологическими феноменами не принята. Хотя сам же пишет, что «*в отличие от уже распространенных стереотипов, гаплогруппа R1a сама по себе не славянская, не арийская и никакая другая. Это — метка, определенная мутация в Y-хромосоме*» (стр. 100). Однако это не мешает присутствию в книге высказываний «*арии Средней полосы Русской равнины*», под которыми подразумеваются носители гаплогруппы R1a и ее сублиний, оказавшиеся на Русской равнине

сколько-то тысячелетий назад, и рассказам о многочисленных других «ариях» и «арийских субкладах».

За введением следует 16 разделов с перечислением различных субгаплогрупп и сообщениями о частоте их встречаемости у различных народов, а также раздел, с некоторыми несуразностями доказывающий совершенно верное утверждение об антинаучности высказывания «*русские — это финно-угры*» (подробнее об этом ниже).

Часть II «Основы ДНК-генеалогии» состоит из 3 глав. Содержание главы 1 «Мутации, гаплогруппы, субклады и гаплотипы» ясно из ее названия. Глава 2 «ДНК-генеалогия как новое направление науки» заслуживает более подробного рассмотрения, так как именно в ней представлены авторские принципы изложения материала. Однако, к сожалению, в и без того обширную рецензию отдельное рассмотрение этой главы не вмещается. Глава 3 содержит уже упомянутый глоссарий терминов ДНК-генеалогии.

Часть III «ДНК-генеалогия и древняя история» состоит из глав «Миграции племен по Евразии в последние 60 тысяч лет» и «Формирование народов России в последние 5 тысяч лет».

Часть IV «Народы России» содержит перечисление 190 народов России с указанием численности народа, описанием представленных основных гаплогрупп Y-хромосомы и их частот в тех случаях, когда они известны, и указанием только численности народа согласно переписи России там, где опубликованные данные о гаплогруппах автору найти не удалось.

В книге рассмотрены только гаплогруппы Y-хромосомы. А.А. Клёсов не рассматривает гаплогруппы митохондриальной ДНК, передающейся по женской линии, но роль женщин в формировании народов признает, что подкрепляет цитатой из Библии.

Текст книги изложен не везде ясно и с некоторыми стилистическими огрехами. Например, на стр. 9 написано: «*в виде последовательности Y-хромосомы ДНК*». Это явный англицизм, автор забыл переставить местами слова, чтобы получилось по-русски «ДНК Y-хромосомы», а не по-английски. На той же странице указано: «*Есть „быстрые“ по скорости копирования фрагменты, там сбой происходит в среднем раз в 14 поколений…*». Скорость копирования фрагментов, то есть скорость работы ДНК-полимеразы, обычно не измеряется в исследованиях, о которых идет речь. Здесь надо было бы написать «скорость накопления мутаций», а не «скорость копирования». Такие огрехи свидетельствуют об отсутствии литературного редактора или о непонимании молекулярных процессов, о которых идет речь. Однако следом идут уже более серьезные смысловые огрехи. Продолжая рассуждения о быстро мутирующих STR-сайтах Y-хромосомы, автор пишет о появлении новых мутаций «*из 174–181 родившегося мальчика (в Москве за одни сутки) у 12–13 в их Y-хромосомах появляются мутации, которых нет у их отцов*». Но согласно предыдущему абзацу раз в 14 поколений мутация появляется в одном быстромутирующем сайте. А таких сайтов в Y-хромосоме множество. Возьмем 10 сайтов — мутации насчитаем уже у 120-130 новорожденных мальчиков. Возьмем 60 сайтов — у каждого мальчика будет уже по нескольку мутаций. Поэтому формулировки, приведенные автором, наглядны, но создают ложное впечатление о накоплении мутаций. Оценка количества вновь возникших мутаций зависит не только от скорости накопления мутаций, но и от количества рассматриваемых STR-сайтов.

Ошибки и несуразности встречаются в каждом разделе книги, перечислить их все невозможно, поэтому рассмотрим далее только те, что особенно на виду.

Текст на странице 14 иллюстрирует оригинальную манеру автора цитировать источники, обеспечивающую непроверяемость его утверждений. Разобраться в них может только специалист, хорошо знающий научную литературу по теме. Автор пишет в разделе о гаплогруппе R1a, преобладающей у русских и представителей других славянских народов, «*гаплогруппа R, вышестоящая по отношению к R1a, была обнаружена в ископаемых костных остатках у побережья Байкала, в Южной Сибири, с археологической датировкой 24 тыс. лет назад*». Если книга претендует на научность, то следовало бы обозначить, кем сделано такое интересное открытие. Речь здесь идет об останках мальчика, найденных на стоянке Мальта́, результаты исследования которых были опубликованы в 2014 году [2]. Многие подобные утверждения даны вообще без ссылок, поэтому читателю сложно различить, где открытия или гипотезы автора, а где пересказ научной литературы либо иных источников. В некоторых местах ссылки все же приведены и даны полностью, а в некоторых — в весьма урезанном виде. Например, по ссылке к рис. 8 на стр. 109 «*Дерево 6-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы J, построено по данным Behar et al. (2003)*» статью с данными *Behar et al.* найдет только тот, кто умеет пользоваться поиском научной литературы. Правда, если человек проводить такой поиск не умеет, ему и статья-источник данных особой пользы не принесет. А это значит, что читатель должен верить автору на слово, так как проверить точность пересказа при этом невозможно. А точность пересказа у автора заметно хромает. Зато отсутствие ссылок помогает автору избежать упоминаний того, что сделано мировой наукой в исследованиях гаплогрупп, и написать текст так ловко, чтобы у читателя создалось впечатление, что все описываемое без ссылок — плод трудов автора. Чтобы оценить, какие важные статьи в области исследований автор использует, а какие пропустил, необходимо разбираться в этих исследованиях и знать опубликованные работы с 1980-х годов, с тех пор, когда появилось датирование событий популяционной истории на основе исследования гаплотипов мтДНК и Y-хромосомы.

Невнимание к культуре цитирования в нескольких местах сыграло с автором злые шутки.

В разделе «Антинаучные высказывания о том, что „русские — это финно-угры“» (с. 15-16), А.А. Клёсов цитирует высказывания неназванного белорусского автора и справедливо называет их околесицей. Рассуждения этого автора можно легко найти в интернете, а первоисточником их является фальшивая сенсация в газете «Власть» от 2005 года, вывернувшая наизнанку все, что ей сказали российские генетики, и сочинившая сенсацию «русские не славяне» там, где ее и в помине не было (описание этой печальной истории здесь). Казалось бы, осмысленный раздел. Но А.А. Клёсов тут же пользуется случаем чтобы накатить бочку на российских генетиков, обвиняя их в том, что недоразумение с приписыванием русских к финно-уграм возникло потому, что (цитирую) «*„референсный геном русских“ брался российскими популяционными генетиками на границе с Финляндией, и он оказался практически идентичным с „рефе(ре)нсным геномом финнов“. Эти недоразумения были созданы российскими генетиками или по глупости, или по непрофессионализму, или сознательно, идя на фактическую политическую провокацию*».

Эта история про неразумных популяционных генетиков, которые пытались превратить русских в финнов, уже несколько лет муссируется А.А. Клёсовым на различных сайтах. Однако тот, кто следит за популяционно-генетическими исследованиями, знает, что по исследованию русских было две крупных статьи, но ни в этих статьях, ни в других не было ничего из приписанного генетикам А.А. Клёсовым. Одна статья О.П.Балановского с соавторами [3], в ней идет речь о гаплогруппах Y-хромосомы русских северной, центральной и южной России (изучено 1228 человек). Вторая статья международного коллектива — геномное исследование 615 человек, в том числе 384 русских Архангельска, Владимира, Курска и Твери и еще маленькой группы в 25 человек из Архангельского района (она из международной коллекции HGDP, но из некоторых обсчетов эта группа была исключена) [4]. Ни в той, ни в другой статье никаких референсных геномов русских на границе с финнами не было. Северные русские, которые генетически действительно отличаются от южных русских, были. Но они не были объявлены эталоном, и кроме них были хорошо представлены русские центра и юга. А.А. Клёсов прекрасно это знает, этот вопрос обсуждался в дискуссии под статьей «ДНК-демагогия Анатолия Клёсова» в газете «Троицкий вариант» [5], в которой он принимал участие. Но, видимо, либо забыл, либо по рассеянности опять что-то перепутал, либо, как он сам пишет, идет на провокацию. Если бы в книге были расставлены ссылки так, как положено для научной литературы, то пришлось бы указать статью, в которой русских «подменили» финнами. Но отсутствие ссылок помогает автору сочинить любое обвинение — и затем собственное сочинение развенчивать перед доверчивым читателем, приписывая «непрофессионализм» генетикам.

В книге тут и там разбросано еще множество фактических ошибок и путаных интерпретаций, примеров неумения работать с научной литературой (помимо странной манеры цитирования) и опять-таки множество упреков в адрес генетиков — то, без чего не обходится ни один текст автора книги. Например, датировки у популяционных генетиков не такие, а у А.А. Клёсова «правильные». О том, как обстоит дело с датировками, в том числе с формулой Адамова–Клёсова и границах ее применимости, можно прочесть в статьях О.П. Балановского и других авторов [6-8]. На стр. 93-97, где рассказывается о ДНК-генеалогии, не в первый раз автор пытается тщательно отгородиться от генетики, предписывая генетикам заниматься только теми 2% генома человека, в которых содержатся белок-кодирующие последовательности ДНК, и придумывая собственные определения того, чем занимается генетика («*главная задача […] — выявление связи между генотипом и фенотипом*»). А.А. Клёсов утверждает, что только его ДНК-генеалогия открыла возможность датировки появления новых гаплогрупп по накоплению мутаций и сопоставления реконструированных путей и дат расселения с событиями, известными по археологическим и иным данным. При этом полностью игнорирует то, что генетики начали делать это более чем за 20 лет до автора книги и накопили обширные данные, которые он использует, а также методический и понятийный аппарат, в отношении которого автор книги упорно демонстрирует непонимание и заявляет, что у генетиков его не существует. Утверждению собственного приоритета автора во всех направлениях, касающихся изучения гаплогрупп и датировок, опять помогает отсутствие ссылок на работы генетиков и представление предмета исследований, сформулированное так, чтобы, как у крошки Цахеса, все достоинства и открытия принадлежали А.А. Клёсову.

В описаниях ДНК-генеалогии опять повторяется изрядная путаница с понятиями рода, племени и этноса. При этом автор противоречит сам себе. На стр. 78 он сообщает: «*У любой гаплогруппы, как у любого рода или племени, был один общий предок, патриарх, поэтому понятие „гаплогруппа“ в ДНК-генеалогии эквивалентно понятию „род“*», на стр. 102: «*каждый снип соответствует гаплогруппе, то есть роду, или субкладу, то есть племени, хотя эти дефиниции применяют весьма вольно*». В то же время утверждает: «*понятия „племя“ в ДНК-генеалогии нет, но это не значит, что племен не было. Причина в том, что племя — это составное понятие, в отличие от рода, и может быть совокупностью представителей разных родов*» (стр. 135-136).

О неумении (или нежелании) работать с научной литературой говорит, например, описание малого народа энцев на стр. 768: «*Данных по ДНК-тестированию энцев в литературе найти не удалось, за исключением косвенных данных компании Гентис, что 78% энцев относятся к гаплогруппе N1a2b-P43. Прямой ссылки на это найти не удалось, при том, что компании Гентис давно не существует и веб-сайт давно ликвидирован*». Тот, кто в теме, помнит, что биологические образцы энцев были собраны Татьяной Карафет и Людмилой Осиповой и описаны в статье 2002 года [9], упомянуты в статьях *Rootsi et al.* и *Tambets et al.* (в таблице S5) [10], [11]. Но А.А. Клёсову недосуг внимательно изучать научные публикации, достаточно посмотреть в русскоязычную Википедию. Потому что именно в ней дана ссылка для энцев на неработающий сайт компании Гентис. Даже в английской Википедии в описании гаплогруппы N1a2b-P43 упомянуты энцы и даны две из трех приведенных здесь ссылок. Интересно, что статьи *Tambets* (2018) и *Karafet* (2002) с соавторами неоднократно упоминаются в книге

(стр. 281, 421, 721, 754, 759 и др.), но энцев в них автор книги не углядел. Как же А.А. Клёсов эти статьи читал?

Неаккуратные цитирования лишают стройности раздел, где автор книги, казалось бы, должен триумфально подтвердить свои предсказания. На стр. 19 он пишет о битве в долине реки Толлензе, произошедшей примерно 3200 лет назад: «*В своей книге „История ариев и эрбинов“ (М.: Концептуал, 2017) я выдвинул вполне обоснованное предположение, что это было сражение ранних славян, носителей гаплогруппы R1a, и эрбинов, носителей гаплогруппы R1b, они же носители археологической культуры колоколовидных кубков…. И вот совсем недавно была опубликована долгожданная статья под названием (в переводе) „Геномные данные с поля битвы Древней Европы“…*» (тут Клёсов дает ссылку на пересказ статьи на популярном сайте про индоевропейцев. И далее продолжает: «*Как и предсказывалось, проигравшие в битве (чьи тела были сброшены в болото без какого-либо похоронного обряда) относились к гаплогруппе R1b-P312, это были 7 образцов из рассмотренных 14, и остальные 9 образцов относились к гаплогруппе I2a-M223, типичной для Западной и Центральной Европы*».

Если кто помнит школьную арифметику, то знает, что когда из 14 вычитают 7, получается вовсе не 9, а опять 7. Заподозрить А.А. Клёсова в незнании арифметики сложно — просто не туда посмотрел, не оттуда списал. Исходная статья [12] посвящена вовсе не древним битвам, а описанию того, насколько в популяциях Бронзового века была распространена способность пить молоко, установленная по анализу гена лактазы. В ее популярном пересказе на цитируемом Клёсовым сайте про 14 индивидов речь идет в том абзаце, где говорится об анализе гена лактазы. А в следующем абзаце речь идет уже об исследовании гаплогрупп, и тут как раз приведены данные для 16 человек (9 + 7 = 16). А.А. Клёсов просто посмотрел в начало одного абзаца, затем в конец другого, и, не вникая в их содержание, сделал нужный ему вывод. Просто не умеет или не считает нужным внимательно читать и анализировать текст (что проявляется во множестве мест в книге).

А далее у него уже включается полет фантазии без особой связи с приведенными в цитируемой статье сведениями о гене лактазы или гаплогруппах: «*Видимо, носители гаплогруппы I2a-M223 или ассистировали эрбинам (например, были пехотой), или входили с ними в союз племен. И потерпели поражение в сражении*». А почему не наоборот? Может, R1b были пехотой, а I2a командовали? Или они бились не взирая на гаплогруппы? Где в ДНК это все записано? Нигде. И археология о таком разделении ничего не говорит. Антропологи могли бы сказать по особенностям костных останков кто был всадником, кто пешим воином — но таких описаний для погибших в этой битве пока нет. Ну и никаких доказательств, что на поле битвы побывали носители R1a — ведь предсказание было про R1a, а не про I2a. Так что предсказание про мифических «ариев» и «эрбинов» не вполне удалось.

Далекие от науки истолкования рассыпаны по всем разделам книги. Так, на стр. 126 в разделе «Миграции племен по Евразии в последние 60 тысяч лет» автор находит новые доводы для своей старой идеи — что предки современных людей не вышли из Африки, утверждая, что между африканской гаплогруппой A и остальными гаплогруппами «нет филогенетической связи. Поэтому сказки популяционных генетиков, что носители гаплогруппы A вышли из Африки и от них произошли все остальные гаплогруппы, остаются сказками». Остается загадкой, как А.А. Клёсову удалось и самому такой связи не найти и не увидеть положения гаплогруппы A на филогенетическом древе человечества в работах генетиков (см., например, исследование этого вопроса в статьях *Barbieri et al.* и *Naidoo et al.* [13], [14].

Путаница присутствует даже в перечислении регалий автора. В аннотации книги автор представлен как президент Академии ДНК-генеалогии, профессор Гарвардского и Московского государственного университетов и профессор АН СССР. Профессором Московского университета А.А. Клёсов действительно был. А вот профессором Академии наук СССР быть не мог — такого звания не было. Дело в том, что в СССР и в унаследовавшей от него систему научных званий России слово «профессор» имеет два разных значения. Одно — это должность в учебном заведении, и такую должность на химическом факультете МГУ А.А. Клёсов занимал в советское время в 1979-1981 гг., до того, как перешел в Институт биохимии им. А.Н. Баха АН СССР. В академических институтах должности профессора нет. Но, независимо от должности, профессором также называют человека, которому Высшей аттестационной комиссией (ВАК) присвоено это научное звание. ВАК никогда не относилась к АН СССР, с 1975 до 1991 года она называлась Высшей аттестационной комиссией при Совете Министров СССР. Поэтому ни звания профессор АН СССР, ни такой должности не существовало. Однако в 2015 году было введено звание «профессор РАН». Оно присваивается ученым в возрасте до 50 лет, что опять таки мимо Клёсова. А.А. Клёсов не является также и профессором Гарварда (был приглашенным профессором в 1989-1998 годах, что примерно равно статусу приглашенного преподавателя, а не пожизненному званию [5]. Указал ли автор для себя такие несуществующие регалии намеренно, в стремлении завлечь читателя, или это отражает неспособность к упорядоченному изложению чего бы то ни было, остается тайной.

Что же касается реально существующего титула президента Академии ДНК-генеалогии, то он может произвести впечатление только на несведущего читателя, не отличающего уважаемых академий от многочисленных самодельных. Сейчас каждый может создать нечто, что назовет академией, назначить себя президентом и написать это для солидности на визитных карточках. Что имеем в итоге по перечислению регалий? Один реальный факт (профессор МГУ в течение двух или трех лет), два выдуманных звания (профессор АН СССР и канувший в прошлое приглашенный профессор Гарварда) и ничего не значащее в науке звание президента самодельной академии. Это сочетание отражает всю структуру книги, соотношение реальности и фантазий везде примерно такое же.

Вообще-то книга, невзирая на абсурдные интерпретации, могла бы стать полезным источником сведений хотя бы о частотах гаплогрупп у представителей разных народов. Все же обширная информация собрана. Однако приведенные примеры небрежности в оформлении, в арифметических ошибках, в путанице с данными и в искажении содержания использованных научных статей делают это невозможным — каждую цифру и букву надо проверять, а при отсутствии ссылок во многих разделах сделать это невозможно или затруднительно. Рассматриваемая книга полна ошибочных данных, которые неспециалисту сложно отличить от корректно изложенных, и распространяет не имеющие научных обоснований интерпретации и лженаучные идеи.

В итоге можно заключить, что книгу А.А. Клёсова «Народы России. ДНК-генеалогия» не стоит рекомендовать к прочтению, так как она в каждом разделе вводит читателей в заблуждение.

Литература

1. L. J. LAWSON HANDLEY, N. PERRIN. (2007). Advances in our understanding of mammalian sex-biased dispersal. *Molecular Ecology*. **16**, 1559-1578;
2. Maanasa Raghavan, Pontus Skoglund, Kelly E. Graf, Mait Metspalu, Anders Albrechtsen, et. al.. (2014). Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature*. **505**, 87-91;
3. Oleg Balanovsky, Siiri Rootsi, Andrey Pshenichnov, Toomas Kivisild, Michail Churnosov, et. al.. (2008). Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in Their Eurasian Context. *The American Journal of Human Genetics*. **82**, 236-250;
4. Andrey V. Khrunin, Denis V. Khokhrin, Irina N. Filippova, Tõnu Esko, Mari Nelis, et. al.. (2013). A Genome-Wide Analysis of Populations from European Russia Reveals a New Pole of Genetic Diversity in Northern Europe. *PLoS ONE*. **8**, e58552;
5. Балановская Е. В. и др. (2015). ДНК-демагогия Анатолия Клёсова. *Троицкий вариант*. **170**, 1–2;
6. Luka Papac, Michal Ernée, Miroslav Dobeš, Michaela Langová, Adam B. Rohrlach, et. al.. (2021). Dynamic changes in genomic and social structures in third millennium BCE central Europe. *Sci. Adv.*. **7**, eabi6941;
7. Monika Karmin, Lauri Saag, Mário Vicente, Melissa A. Wilson Sayres, Mari Järve, et. al.. (2015). A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture. *Genome Res.*. **25**, 459-466;
8. Балановский О.П., Запорожченко В.В. (2016). Хромосома-летописец: датировки генетики, события истории, соблазн ДНК-генеалогии. *Генетика*. **52**, 810–830;
9. Tatiana M. Karafet, Ludmila P. Osipova, Marina A. Gubina, Olga L. Posukh, Stephen L. Zegura, Michael F. Hammer. (2002). High Levels of Y-Chromosome Differentiation among Native Siberian Populations and the Genetic Signature of a Boreal Hunter-Gatherer Way of Life. *Human Biology*. **74**, 761-789;
10. Siiri Rootsi, Lev A Zhivotovsky, Marian Baldovič, Manfred Kayser, Ildus A Kutuev, et. al.. (2007). A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *Eur J Hum Genet*. **15**, 204-211;
11. Kristiina Tambets, Bayazit Yunusbayev, Georgi Hudjashov, Anne-Mai Ilumäe, Siiri Rootsi, et. al.. (2018). Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biol.* **19**;
12. Joachim Burger, Vivian Link, Jens Blöcher, Anna Schulz, Christian Sell, et. al.. (2020). Low Prevalence of Lactase Persistence in Bronze Age Europe Indicates Ongoing Strong Selection over the Last 3,000 Years. *Current Biology*. **30**, 4307-4315.e13;
13. Chiara Barbieri, Alexander Hübner, Enrico Macholdt, Shengyu Ni, Sebastian Lippold, et. al.. (2016). Refining the Y chromosome phylogeny with southern African sequences. *Hum Genet.* **135**, 541-553;
14. Thijessen Naidoo, Jingzi Xu, Mário Vicente, Helena Malmström, Himla Soodyall, et. al.. (2020). Y-Chromosome Variation in Southern African Khoe-San Populations Based on Whole-Genome Sequences. *Genome Biology and Evolution*. **12**, 1031-1039.