

Часть I

**НАРОДЫ РОССИИ,
ИХ РОДОВАЯ СТРУКТУРА
И ИСТОРИЯ МИГРАЦИЙ
РОДОВ**

Введение

А. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ПОНЯТИЙ

В этой книге рассмотрена ДНК-генеалогия народов России, а именно тех народов, для многочисленных представителей которых известны результаты тестов на гаплогруппы, субклады и/или гаплотипы Y-хромосомы. Эти тесты выполняются специализированными лабораториями, в России — Академией ДНК-генеалогии (г. Москва), президентом которой является автор данной книги. Это — единственная организация в мире, которая не только предоставляет результаты тестов, но и проводит соответствующую персональную интерпретацию результатов и заносит их в базу данных Академии. Интерпретация результатов показывает место Y-хромосомы (гаплотипа, субклада и гаплогруппы) каждого конкретного человека в системе ДНК всего мира, выявляет, к какой ДНК-наследственной ветви он относится, — тем самым выявляются его возможные родственные связи с другими людьми (при условии, конечно, что они тоже прошли ДНК-тесты и их гаплотипы и субклады имеются в открытых базах данных), а также в ряде случаев — с древними археологическими культурами, для которых уже есть более тысячи результатов по ископаемым ДНК.

Наличие этих данных, которые собираются и накапливаются в течение последних 10–15 лет (до этого была скорее подготовка к созданию такой системы исследований), и послужило основой для настоящей книги. Это — без преувеличений — уникальное издание. Это — торжество ДНК-генеалогии, пусть в самом начале экспоненциального развития данного нового направления науки. Читатели сами увидят, что это не пафос, это — реальное отражение действительности. Поэтому пересказывать содержание книги смысла не имеет, ее надо хотя бы перелистать, чтобы понять, в чем ее новизна.

Каждый народ рассматривается в этой книге как сплав родов (гаплогрупп) по мужской линии, которые образовали историческое единство, и каждая глава описывает в своей очередности (в порядке численности в составе Российской Федерации) отдельный народ, то, как складывался во времени его родовой состав, 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 данного народа. Каждый народ имеет право знать свою историю — не по лекалам, порой навязанным политически ангажированными «учеными», а по объективным данным. Такими являются Y-хромосомы и их количественные и конкретные характеристики, которые передаются по наследству — по отцовской линии — десятками, сотнями и тысячами поколений, и вместе с ними передаются в неизменном или почти неизменном виде мутации в Y-хромосоме. Эти мутации и являются теми самыми показателями, которые однозначно задают наследственные структурные признаки в ДНК, которые в свою очередь можно проследить через тысячелетия и десятки, а то и сотни тысяч лет.

«Передаются в неизменном или почти неизменном виде» — это не оговорка, не уклончивость, не дань дипломатичности высказываний. Это корректный факт. Дело в том, что одни показатели Y-хромосомы передаются десятками, сотнями и тысячами поколений в неизменном виде, — это относится к гаплогруппам и субкладам, определяемым практически необратимыми мутациями, так называемыми снип-мутациями (от англоязычного сокращения SNP, Single Nucleotide Polymorphism). Это или сбои при биологическом копировании ДНК в клеточном ядре, когда вместо одного нуклеотида в Y-хромосоме

(в данном случае) биологическая система копирования случайно вставляет другой нуклеотид из трех остальных возможных вариантов (всего копируются четыре нуклеотида — аденин, тимин, гуанин и цитозин, и биологическая система «знает», какой из четырех когда скопировать, поскольку следует биологической «матрице» в виде последовательности Y-хромосомы ДНК), или сбой происходит по другим причинам, пока нам непонятным. В ряде случаев организм опознает, что произошел сбой, и «чужака» удаляет или заменяет на правильный нуклеотид. Это происходит не всегда, система неидеальна. Но если ошибка не замечена и не исправлена, то ошибочный нуклеотид продолжает копироваться дальше в каждом поколении, биологическая система уже «заточена» на копирование и не рассуждает. И вот такие ошибки, или снип-мутации, сохраняются порой миллионами лет, после сотен тысяч и миллионов актов копирования. Мы видим одни и те же мутации в ДНК человека, шимпанзе, гориллы, орангутана, макаки, а значит, они унаследованы от далекого общего предка макаки и будущего человека, то есть как минимум 25 млн лет назад. Поэтому «мутации передаются в неизменном виде» — это в данном случае корректное положение. Это позволяет помещать носителя данной мутации в Y-хромосоме в определенный род, который уже измениться не может.

Слово «почти» во фразе «передача мутаций почти в неизменном виде» имеет отношение к мутациям другого типа, не снип-, а стир-мутациям (от англоязычного сокращения STR, Short Tandem Repeat), когда той же биологической системой копируется не один нуклеотид, а целый протяженный блок, из десятков и сотен нуклеотидов, который состоит из многих (от 5 до 45) повторяющихся фрагментов Y-хромосомы. Когда биологическая система копирует эти блоки, повторяя фрагмент за фрагментом, она тоже порой ошибается, и либо пристраивает лишний фрагмент, либо, напротив, пропуская фрагмент, который «завещали» предки. Это происходит раз в 500–600 поколений, то есть раз в 12,5 тыс. — 15 тыс. лет, если считать по всем фрагментам в среднем. Но биологическая система в среднем не считает, это мы для простоты усредняем, а вероятность (или частота) такого сбоя зависит от того, какой фрагмент копируется. Есть «бы-

стрые» по скорости копирования фрагменты, там сбой происходит в среднем раз в 14 поколений, то есть раз в 350 лет, а есть «медленные», при копировании которых сбой происходит раз в 125 тыс. поколений, то есть раз в 3 млн лет с небольшим. Все это с примерами и расчетами обсуждается в учебнике автора «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М.: «Концептуал», 2018). Здесь, в предисловии, мы приводим это для того, чтобы ввести читателя в суть основных понятий ДНК-генеалогии, для большей доступности материала книги.

Эти числа — раз в 14 поколений или раз в 125 тыс. поколений, имеют для многих читателей довольно абстрактный вид, пока они не осознают, что это на самом деле одна мутация на 14 рождений мальчиков или одна мутация на 125 тыс. рождений мальчиков. Иначе говоря, есть относительно «быстрые» мутации, а есть очень «медленные» мутации. Взглянем на конкретный пример — в России на 147 млн человек населения (неофициальные данные на 2018 г.) рождается примерно 1,5 млн детей в год, это 4121 ребенок в день, и на Москву, с ее 12,4 млн человек, приходится в среднем 348 рождений в сутки, или примерно 174 рождения мальчиков (принимая вероятность рождений мальчика и девочки одинаковой, что не совсем так). По другому источнику (Википедия) в Москве в 2018 г. родилось 132 тыс. человек, или 363 рождения в сутки, или примерно 181 рождение мальчиков. Как видим, это примерно одинаковые числа, и для наших целей это приемлемый статистический показатель. Напомним, что нам нужна просто условная иллюстрация того, что «быстрая» мутация происходит один раз на 14 рождений мальчиков. Другими словами, за одни сутки у родившихся в Москве мальчиков происходит 12–13 мутаций, которые появляются в их Y-хромосомах. Иначе говоря, 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 это — редкие, единичные мутации, которые никак не нарушают идентичность Y-хромосомы, в которой 58 млн нуклеотидов, или идентичность гаплотипа, состоящего обычно из десятков маркеров (стиров), в котором неупорядоченным образом изменится один показатель из десятков, да еще к тому же с малой вероятностью.

Чтобы не ограничиваться одной Москвой, повторим, что сейчас в среднем в России рождаются примерно 1,5 млн детей за год, или примерно 750 тыс. мальчиков. Это приводит к образованию в их Y-хромосомах более 50 тыс. «быстрых» стир-мутаций и 6 «медленных» стир-мутаций. Это на всю страну за год! Это на самом деле в составе целой галереи стир-мутаций, которых больше ста наименований, и здесь показаны крайние значения скоростей, остальные заполняют по скорости весь этот диапазон.

Часто задают вопрос: но это мужчины, а почему же игнорируются женщины? Разве они не оставляют вклада в ДНК? Разве они не участвуют в формировании народа, как профессионально, так и путем рождения и воспитания детей, колоссального вклада в культуру народа, его здравоохранения, лечения, преподавания, в рядах вооруженных сил, наконец? Мой ответ — конечно, в таком ключе вклад женщин в становление и упрочение народов России неизмеримо велик, и порой (а то и всегда) превышает вклад мужчин, в зависимости от системы оценок, особенно оценок личностных, на индивидуальном уровне. Но автор оставляет эти оценки другим исследователям и статистикам. Культура, здравоохранение, воспитание детей, любовь и забота не записаны в Y-хромосоме, более того, у женщин этой хромосомы просто нет, по определению. Иначе она была бы мужчиной.

Приведем следующую аналогию — для выявления путей миграций птиц их кольцуют и тем самым получают важную информацию о том, куда птицы летят, где они зимуют, или, наоборот, куда летят в тепло. Дает ли нам кольцевание полную информацию о птицах? О том, как и зачем они чирикают, как выют гнезда, об их «социальном» общении, об инстинктах и поведении, заданном наследственно или приобретенном? Нет, не дает. Этим занимаются другие науки. Так же и ДНК-генеалогия — она не ставит своей целью подменять другие науки, другие методологии исследования, она не изучает культуру общества, не изучает классовые различия, для ДНК-генеалогии богатые и бедные, короли и нищие совершенно равноправны в отношении их гаплогрупп, субкладов, гаплотипов. Но она рассматривает общество с другой стороны — какова родовая структура

общества, откуда и когда члены разных родов пришли на данную территорию, какова была их история, в том числе история древняя и древнейшая, практически недоступная для изучения в рамках других наук, например, лингвистики, социологии, культурологии. А вот как ДНК-генеалогия это рассматривает и к каким выводам приходит — описано в этой книге.

Что касается женщин — у них есть своя система мутаций в их митохондриальной ДНК (мтДНК), которая передается всем детям — как девочкам, так и мальчикам. Но от мальчиков и выросших из них мужчин мтДНК дальше их детям не передается, она на мужчинах терминируется с их смертью. Дело в том, что сперматозоиды мтДНК не несут, точнее, несут, чтобы придать импульс движения их жгутикам, а потом митохондрии отпадают, когда задача сперматозоида выполнена. А мтДНК передает детям мать, которая детей вынашивает. Поэтому у мужских поколений мтДНК с каждым поколением меняется, поскольку каждый раз меняется мать. Если мать случайно из того же женского рода (с той же мтДНК), то мтДНК у сына и внука одна и та же, но это все дело случая. Поэтому мужскую ДНК-генеалогия по мтДНК не проследить. Можно проследить женскую ДНК-генеалогия, поскольку одна и та же мтДНК передается по женской линии на протяжении тоже десятков и сотен тысяч лет и далее, но исторически сложилось так, что женщина покидает свою семью и переходит в селение мужа. Поэтому если у мужчин в селении одна и та же Y-ДНК сохраняется сотнями лет, если, конечно, они селение все не покидали, или если покидали, то возвращались, или если не возвращались, то оставались их сыновья, то женская мтДНК каждое поколение передвигается на новое место. В итоге женские мтДНК расходятся по большим территориям, порой по всей Евразии — за сотни и тысячи поколений, причем неупорядоченным образом, в то время как мужские Y-ДНК намного более «локальны», или образуют шлейфы потомков при упорядоченных передвижениях, как, например, во время дальних миграций или военных экспедиций. Еще пример — из гарема, особенно когда он большой, выходит только одна Y-ДНК, но множество самых разных мтДНК, отражая женский состав гарема, порой совсем международный.

Все это приводит к тому, что мтДНК почти не используются в ДНК-генеалогии или используются в ограниченных, конкретных случаях, отвечая на конкретные задачи, как правило, общего характера. Например, это «азиатская» мтДНК, или «африканская», или «европейская», хотя и этом случае часты пересечения.

Так что автор совсем не недооценивает роль женщин в исторических процессах, в развитии семьи и общества. Просто в науке есть реалии, которые обычно завязаны на постановку научной задачи. Физику и химию тоже нельзя упрекать, что в их законах и химических формулах и уравнениях недооценена роль женщины. Все опять определяется постановкой научной задачи. Так и в ДНК-генеалогии — нельзя упрекать исследователей, что они недооценивают культурные особенности общества или роль женщин в тех или иных исторических процессах. Просто в ДНК это не записано, а если и записано, то мы тех языков пока не знаем или слабо освоили. Пусть критики помогут.

Таким образом, говоря о гаплогруппах, все время подчеркивается: это мужские гаплогруппы; что они определяются мутациями в Y-хромосоме, которой у женщин нет, вовсе не означает, что эта книга только о мужчинах в истории народов России. Истории мужчин без женщин быть не может. Неслучайно Библия почти в самом начале (Быт.2:23-24) провозглашает:

«...она будет называться женою, ибо взята от мужа. Потому оставит человек отца своего и мать свою и прилепится к жене своей; и будут одна плоть». И далее, по всем Святым Писаниям рассыпана важность женщины в единении с мужем, в создании семьи: «Она, как купеческие корабли, издавлека добывает хлеб свой», «Она встает еще ночью и раздаст пищу в доме своем...», «Она чувствует, что занятие ее хорошо, и светильник ее не гаснет и ночью», «Она наблюдает за хозяйством в доме своем и не ест хлеба праздности» и многие другие. Любые археологические культуры создавали вместе мужчины и женщины, и мы, характеризуя те культуры и их происхождение, и их место в истории народов, используем мужскую гаплогруппу только как информационную метку. Наподобие кольцевания.

Сообщим некоторые вводные сведения об общем составе Российской Федерации и о динамике

ее населения. Согласно данным последней переписи населения России (2010 г.), численность населения страны составила 143 млн человек (в 2018 г. — по неофициальным данным, около 147 млн человек), из которых свою национальность указали 137 млн, то есть 96 % населения. Из них русских — 111 млн, то есть 81 %. На втором месте по численности — татары, их 5,3 млн человек (все приводимые здесь числа округлены до указанных последних цифр; желающих видеть точные цифры переписи отошлем к соответствующим опубликованным документам), следующие места по численности занимают украинцы, проживающие в Российской Федерации (1,9 млн), башкиры (1,6 млн), чувашаи (1,4 млн), чеченцы (1,4 млн), армяне (1,2 млн). На этом заканчивается список из семи народов — «миллионников» в РФ, в сумме, вместе с русскими, они составляют 124 млн человек, или 91 % от населения, указавшего свою национальность. Остальные 9 % относятся к оставшимся 184 народам Российской Федерации, в сумме — 190 народов.

Все они рассмотрены в этой книге, хотя на самом деле рассмотрены те народы, для представителей которых известны показатели Y-хромосомы — гаплогруппы, субклады и/или гаплотипы. К сожалению, для многих малых народов такие показатели неизвестны, хотя все эти народы перечислены, что отмечено в соответствующих разделах последней части данной книги. Автор надеется, что это послужит сигналом для людей, относящимся к этим, «пропущенным» в этой книге народам, что надо соответствующий пробел заполнять. Или этот сигнал может быть правильно воспринят руководителями соответствующих регионов, что целесообразно выделить небольшие финансовые средства, хотя бы на уровне миллиона рублей, на которые можно провести ДНК-тестирование нескольких десятков представителей малых или «средних» народов. У некоторых малых народов и такой численности не наберется, как описано в настоящей книге.

Надо сказать, что приведенные выше числа неточны, да и точными они никак быть не могут. Например, в 2014 г., уже после всенародной переписи населения, в состав России вернулся Крым с его многонациональным населением в 2,3 млн человек. После 2014 г. в Россию переехали более 3 млн украинцев, большинство вре-

менно, но многие стали гражданами России. Так что численность народов России со временем меняется, одних — увеличивается, других — уменьшается. Особенно это заметно для малых народов, многие из которых записывают себя русскими, или, напротив, возвращаются к своим корням и переходят из русских или других народов в свое историческое лоно. Но не только среди малых народов — численность русских (или тех, которые записали себя русскими) уменьшилась с 116 млн человек при переписи 2002 г. до 111 млн человек в 2010 г. — уменьшение на 5 млн человек. Надо сказать, что из семи народов-«миллионников» в России четыре народа уменьшили свою численность с 2002 по 2010 г. — это русские, татары, башкиры и чуваша, первые три на 4–5 %, последние — на 12 %. Два народа-«миллионника» свою численность увеличили — это чеченцы и армяне в составе России, оба народа выросли на 5 %.

Примеры народов, численность которых (по самоидентификации) уменьшилась с 2002 по 2010 г. (по официальным данным переписи населения):

юги	с 19 человек до 1
меннониты	с 39 до 4
арчинцы	с 89 до 12
лазы	с 221 до 160
среднеазиатские цыгане	с 486 до 49
астраханские татары	с 2003 до 7
горские евреи	с 3394 до 762
поморы	с 6571 до 3113
мордва-мокша	с 49 624 до 4 767
луговосточные марийцы	с 56 119 до 218
евреи	с 229 938 до 156 801

Здесь и далее термин «народы» относится не только к коренному населению РФ, но и к мигрантам, которые стали гражданами России. Понятно, что их народ, который исторически проживает на своей территории с установленными политическими границами, имеет больше оснований называться народом, чем относительно небольшая группа мигрантов с той территории, которая стала гражданами России. Но если мы начнем вносить свои критерии, кто там народ,

а кто нет и по каким причинам, мы гарантированно погрузимся в путаницу во многих случаях. И главное — это не послужит целям настоящей книги. Поэтому мы будем рассматривать все национальные «формации» в пределах Российской Федерации как народы и будем их рассматривать как равноправные народы, во всяком случае с точки зрения ДНК-генеалогии.

Примеры народов, численность которых в составе РФ увеличилась за тот же период, с 2002 по 2010 г.:

боснийцы	с 0 до 256
македонцы	с 0 до 325
курманч	с 1 до 42
грузинские евреи	с 53 до 78
кубачинцы	с 88 до 120
русины	с 97 до 225
мегрелы	с 433 до 600
уйгуры	с 2867 до 3696
горные марийцы	с 18 515 до 23 559
цыгане	с 182 766 до 204 958

Но эти флуктуации опять не имеют отношения к вопросам ДНК-генеалогии данных народов и не меняют содержание и выводы настоящей книги. Родовое происхождение народов имеет определенные исторические корни, и именно они рассматриваются в настоящей книге.

Автор — сам русский по происхождению, русский по самоидентификации, по языку, по культуре, по 14 предшествующим поколениям русского военно-боевого состава, начиная с курских детей боярских XVI–XVII вв., не мог пройти мимо возможности составить антологию народов современной России. Антология, как многим известно, это по-гречески «собрание цветов», *ανθολογία*, обычно это понятие используют для собрания литературных произведений, но не только, антология — это и свод данных. В этом случае — свод цветов в виде народов России.

Настоящая книга состоит из четырех частей. В части первой рассматриваются народы Российской Федерации, объединенные по признакам их общего происхождения. Так, русские, русские казаки, украинцы и белорусы представляют, по сути, один народ. У них практически одинаковая родовая структура. В случае русских, украинцев и белорусов их разделение произошло по сугубо

политическим мотивам, невзирая на то, что народ это один и тот же. Об этом повествует первый раздел части I книги. Следующий раздел той же части объединяет словаков, венгров и словенцев и так далее. В каждом разделе в этой, первой части книги рассматривается общее родовое происхождение и по возможности история возникновения этого народа, часто разъединенного по политическим и историческим мотивам. Эта часть написана без привлечения расчетного аппарата ДНК-генеалогии, без детальных сведений о соответствующих гаплогруппах, субкладах, снипах, гаплотипах. Основная задача данной части была представить простой для чтения текст, для которого не нужно иметь специальной подготовки. Фактически, это резюме всей книги. Но сам материал этого резюме строится на детальном рассмотрении вопроса, изложенного в последующих частях.

Желающие разобраться, на каком основании было проведено объединение народов по их происхождению, должны будут обратиться к последующим частям, а именно части II — «Основы ДНК-генеалогии», части III — «ДНК-генеалогия и древняя история», и части IV — «Народы России». Народы в этой, последней части рассматриваются по убыванию численности народов от русских до айнов, и по каждому народу приведено современное состояние их родовой структуры с привлечением гаплогрупп, снипов, субкладов, гаплотипов. Эта часть представляет фундаментальную основу всей книги.

Автор хотел бы выразить благодарность членам Академии ДНК-генеалогии, кандидату химических наук И. Л. Рожанскому, за проведение анализа многих экспериментальных данных и их осмысление, что указано в соответствующих разделах книги, и кандидату исторических наук В. И. Меркулову, за организационную работу по проведению ДНК-тестирования более тысячи человек, соответствующие результаты которого обобщены в настоящей книге. Автор также благодарит коллектив YFull, участники которого провели тысячи расчетов по приведению снипов Y-хромосомы в систему и анализу динамики их образования за последние 200–250 тыс. лет. В книге даны многочисленные ссылки на результаты их исследований.

Б. НАРОДЫ РОССИИ, РОДСТВЕННЫЕ ПО ОСНОВНЫМ (ПО ЧИСЛЕННОСТИ) РОДАМ

В этом разделе надо подчеркнуть, что понятие «народы России» здесь не означает, что эти народы живут только в России. Такое в мире бывает крайне редко. Русские, например, живут в любой европейской стране, в США и Канаде, в любой стране Южной Америки, в Австралии, Зеландии, на Ближнем Востоке, практически в любой стране азиатского континента, как и во многих странах Африки. Так и в России — представители многих народов мира живут в нашей стране, и не только живут, но многие имеют российское гражданство и заполняют опросные листы во Всероссийской переписи населения, обычно указывая, из каких стран они сюда переехали. Они представляют свой народ, и таким образом в России живут 190 народов, которые и представлены в настоящей книге.

Эти народы могут быть с той или иной степенью близости «сгруппированы» по определенным категориям, например, по языку, культурным особенностям, территориям, и тогда эти группы называются этносами, субэтносами, «этнически близкими» или «этнически родственными». Это — относительно субъективные критерии «группирования» — языки часто различаются по диалектам, «близость по культурным признакам» вообще трудно оценить, тем более при различных уровнях образования членов общества. Но есть и объективные признаки, которые рассматриваются в настоящей книге — это мутации в Y-хромосоме, которые передаются по наследству десятками, сотнями и тысячами поколений по мужской линии. Повторим, почему в качестве таких признаков выбрана именно наследственность по мужской линии — хотя бы потому, что жена обычно приходит в селение к мужу, и поэтому женские линии в итоге распределяются по регионам, странам, континентам значительно более равномерно, чем мужские линии. На этот счет можно теоретизировать, но рассмотрение кон-

кретных экспериментальных данных приводит именно к такому выводу, что попытки построения генеалогий по женским линиям обычно оказываются неработающими. Так что примем как есть, и, если кто надумает написать подобную книгу на основе анализа женских ДНК-линий или, более того, на основании данных «широкогеномного» анализа, и материал окажется осмысленным и информативным, это будет замечательно.

Итак, в последующих полутора десятках разделов этой части книги описана «группировка» народов России по их гаплогруппам, наиболее представленным в численном отношении. Фактически, здесь описаны основные родовые структуры (по мужской линии), которые складывались в основе этногенеза соответствующих народов России.

ПРЕИМУЩЕСТВЕННАЯ ГАПЛОГРУППА R1a-Z280 (РОД РУССКОЙ РАВНИНЫ)

Прежде чем мы перейдем к рассмотрению других гаплогрупп, поясним, откуда у перечисленных ниже народов гаплогруппа R1a. Территория происхождения этой гаплогруппы до сих пор неизвестна хотя бы потому, что этот вопрос практически неразрешим в более-менее четком ответе. Действительно, 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. Там же, у Байкала, была найдена ископаемая гаплогруппа R1a, с датировкой 8 тыс. лет назад. Ископаемые гаплогруппы R1a были найдены в Архангельской области, с датировкой 10,7 тыс. лет назад; у Днепра, с датировкой 10,6 тыс. лет назад; в Карелии, с датировкой 7250–8375 лет назад (по разным данным), другие датировки уже идут на понижение.

Какой вывод делать, если учесть, что гаплогруппа R1a образовалась 166 снип-мутаций (одна снип-мутация возникает в среднем раз в 144 года в «стандартном» фрагменте Y-хромосомы), или примерно 24 тыс. лет, назад? Понятно, что датировки ископаемых R1a в Архангельской области и на Украине на 14 тыс. лет «моложе» времени образования исходной R1a и не могут служить ориентиром для места образования этой гаплогруппы. Подсказкой могут служить данные, что в северном Китае, не так далеко от Алтая, живут

носители гаплогруппы R1a в количестве многих тысяч человек, у которых очень древние (судя по мутациям) гаплотипы, и их расчетный (по мутациям) общий предок жил примерно 20 тыс. лет назад. Поэтому было сделано условное заключение, что гаплогруппа R1a образовалась в Южной Сибири, в Алтайском регионе. Для нашего вопроса в этом разделе это не имеет никакого значения, но надо было обозначить, где и когда гаплогруппа R1a могла образоваться.

У гаплогруппы R1a образовались несколько нижестоящих субкладов, или ветвей. К основным по численности относятся Z280, M458, Z93, L644, Z284. Все они образовались в диапазоне нескольких веков, между 5 тыс. и 4,5 тыс. лет назад. Последние два субклада среди славянских народов практически не встречаются, они характерны для северо-западной Европы. Крайне редко среди славян встречается и субклад Z93, он характерен среди народов, говорящих на тюркских языках, и среди народов Центральной Азии.

При изучении обстоятельств появления общих предков современных русских, а также украинцев, белорусов, поляков и других основных носителей гаплогруппы R1a на Русской равнине картина вырисовывается следующая. 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». Прошло несколько десятков поколений, около тысячи лет, и большинство мужчин, членов племени, уже имели этот снип в своих Y-хромосомах. Дело было вовсе не в том, что этот снип давал какие-то преимущества в выживании и развитии, это была обычная лотерея, в которую природа играет миллионы лет. У остальных членов племени рождались девочки, или мальчики рано погибали, или детей вообще не было. Простые расчеты показывают, что через 15 поколений мальчик, дающий в будущем продолжение рода, выживает в одной семье из десяти (Клёсов А. А. Практическая ДНК-генеалогия для всех. 2018). На Русскую равнину носители R1a-Z645 прибыли около 5 тыс. лет назад, и сразу после этого или незадолго перед прибытием в их среде образовались новые снипы Z280, M458 и Z93, во временном интервале 5 тыс. — 4,6 тыс. лет назад. Арии Средней полосы Русской равнины, со снипами Z280 и M458 остались на Рус-

ской равнине, а южные арии, они же арии степной и лесостепной полосы, со снипом Z93 через несколько столетий в своей части отправились в дальние миграции на восток, юго-восток и на юг, а именно в сторону Южного Урала, Иранского плато и — через Кавказ — в Месопотамию. Южные арии прошли за две тысячи лет по Русской равнине, основали немало археологических культур, среди них срубная, потаповская, синташтинская, андроновская, прошли до Южного Урала и дальше, вплоть до Алтая и Китая, и примерно 3,5 тыс. лет назад перенесли свои гаплотипы в Индию. Ныне 16 % индийцев, примерно 100 млн человек, имеют те самые гаплотипы группы R1a, в основном субклады Z645-Z93-Z2123 и Z645-Z93-L657, лишь незначительно мутированные за последние три с половиной тысячелетия. Они — не славяне и не предки славян.

Часть южных ариев, носители субклада R1a-Z93, а также арии Средней полосы, носители субкладов R1a-Z645-Z280 и R1a-Z645-M458, остались на Среднерусской равнине, после 4,9 тыс. лет назад сформировали то, что в наше время получило название фатьяновской археологической культуры, которая в течение последующих 1,4 тыс. лет, примерно до 3,5 тыс. лет назад (середина II тыс. до н. э.) простиралась от территории современной Смоленской области до Урала. Уже через триста лет, примерно 3,2 тыс. лет назад, в результате миграций из фатьяновской культуры на запад появилась ранняя славянская, лужицкая культура, на территории современной Германии, затем поморская культура, на территории современной Польши, и далее на протяжении I тыс. до н. э. одна за другой на Русской равнине появлялись славянские культуры с тем, чтобы через тысячу — полторы тысячи лет войти в летописи под именами полян, древлян, кривичей и других, перечисленных выше.

АНТИНАУЧНЫЕ ВЫСКАЗЫВАНИЯ О ТОМ, ЧТО «РУССКИЕ — ЭТО ФИННО-УГРЫ»

В последние десять лет в некоторых украинских, белорусских, татарских источниках участились совершенно ненаучные, откровенно безумные и политически заряженные высказывания, что «молекулярно-генетические результаты пока-

зали, что русские — это не восточные славяне, а в основном сменившие язык финно-угры». Если под «финно-уграми» авторы понимают гаплогруппу N (варианты N1a, N1a1), то это ложь, поскольку у этнических русских доля гаплогруппы N составляет 15–16 % (см. ниже более подробные описания). Далее, «финно-угры, сменившие язык» и перешедшие на славянский, особенно во многих предшествующих поколениях, это уже не финно-угры, а славяне. Родной язык у них славянский. Так что и те 15–16 % носителей гаплогруппы N1a у этнических русских — славяне, а не «финно-угры». «Финно-угры» — это лингвистическое, языковое понятие, это люди, чей родной язык относится к финно-угорской группе. У этнических русских родной язык — русский, славянский, просто по определению. Так что авторы этих невразумительных «акробатик» несут, говоря изящным академическим языком, окоlesiцу.

Какая у них задача — понятно, если читать дальше цитату из «опуса» белорусского автора:

«Эти исследования разрушили миф о “восточных славянах” — о том, что якобы белорусы, украинцы и русские “составляют группу восточных славян”. Единственными славянами в физическом плане из этих трех народов оказались только белорусы, но при этом выяснилось, что белорусы — это не “восточные славяне”, а западные — ибо они генетически не отличаются от поляков. Так что миф о “родственной крови белорусов и русских” разрушен: белорусы оказались фактически идентичны полякам; белорусы генетически очень далеки от русских, но зато очень близки к чехам и словакам. А вот финны Финляндии оказались для русских генетически ближе, чем белорусы».

Вот это и есть окоlesiца. Автор передергивает, не зная или не понимая, что «восточные славяне» — это тоже языковое понятие, и никакого «разрушения мифа» здесь нет и быть не может. Поэтому этому автору приходится вводить искусственное понятие «славяне в физическом плане», которого в науке просто нет. Но если под этим подразумевать гаплогруппы, субклады и гаплотипы, то есть картину мутаций в Y-хромосоме, то у всех перечисленных народов доминирует одна и та же гаплогруппа R1a, как было показано выше в этой книге. Как, кстати, и у поляков. Но в лингвистическом отношении поляки — запад-

ные славяне, а русские, украинцы и белорусы — восточные славяне.

Если же автор имеет в виду геномные данные, то придется напомнить, что все соответствующие недоразумения, которые уже разрешены, были вызваны тем, что «референсный геном русских» брался российскими популяционными генетиками на границе с Финляндией, и он оказался практически идентичным с «референсным геномом финнов». Эти недоразумения были созданы российскими генетиками или по глупости, или по непрофессионализму, или сознательно, идя на фактическую политическую провокацию.

Поэтому цитировать далее подобные русофобские произведения нет никакого смысла.

1. Русские, украинцы, белорусы, русские казаки

По своим родовым линиям эти народы являются родственными, близкими, почти идентичными. Разница между ними фактически такая же, как между рязанцами, тверичами, ростовчанами, тамбовчанами, вологодцами, архангелогородцами, брянчанами, липчанами, орловчанами, пензенцами, смолянами, краснодарцами, ивановцами и жителями других русских городов. Основной по численности род у русских, украинцев, белорусов и русских казаков — R1a, его доля составляет соответственно 51 %, 40–44 %, 51 %, 42–48 % (по разным выборкам).

Русские казаки вошли в этот ряд только потому, что в литературе часто вбрасываются (другого слова не подобрать) «сведения», что казаки — «не русские», что они «себя к русским не относят». Хотя ясно, что если они говорят на русском языке, православные, то как же они могут быть не «русскими»? И вот данные ДНК-генеалогии ясно показывают, что основная по численности их гаплогруппа — R1a, как обычно у русских. Поэтому русские казаки — это не отдельный народ, это часть русского народа, хотя в Российской переписи населения казаки, или русские казаки, идут отдельной строкой, в общей категории «Русские».

Для нашего вопроса имеет важное значение то, что русские, украинцы и белорусы имеют в своих предках археологическую культуру шнуrowой керамики и фатьяновскую культуру, которые фактически образовывали культурно-историче-

скую общность 5,2 тыс. — 4 тыс. лет назад. Эта общность охватывала значительные по величине территории, от Восточной Германии на западе до Урала на Востоке, до Кировской и Вологодской областей на севере и Причерноморья на юге. Картина мутаций в гаплотипах показывает, что общие предки русских, украинцев и белорусов гаплогруппы R1a жили примерно 5 тыс. лет назад.

Надо сказать, что гаплогруппа R1a у всех трех народов (казаков мы уже отнесли к русским, и нет нужды их гаплогруппы рассматривать отдельно, тем более что данных по ним все равно недостаточно) состоит в основном из двух субкладов — Z280 и M458, это соответственно субклад Русской равнины, или восточные славяне, и центрально-европейский субклад и западные славяне. Где именно эти два субклада образовались, мы точно не знаем, но данные сводятся к тому, что R1a-Z280 образовались в Восточной Германии, а R1a-M458 — в Польше или Белоруссии. Это данные, конечно, предварительные. У русских субклада Z280 наблюдается 40 %, M458 — 10 %. У украинцев — 25 % и 17 % соответственно. У белорусов — 37 % и 13 %. Остальное составляет субклад Z93, на уровне 1–2 %. Субклада R1a-Z284, так называемого скандинавского, ни в России, ни в Белоруссии, ни на Украине нет. Это полностью опровергает так называемую «норманскую теорию», согласно которой русские произошли от скандинавов, по версии Йоганна Шумахера, секретаря Петербургской Академии наук (с 1724 г.): «*Я же, основываясь на свидетельствах, сохраненных шведскими писателями, представляю себе, что русская нация ведет свое начало от скандинавских народов*». Он «представляет»! Какие писатели, какие «сохраненные» свидетельства — ничего здесь не указано, есть исключительно его «мнение», и на основании его мнения делается вывод, который норманнисты мусолят уже 270 лет. Мы уже показали, что версия Шумахера неверна, у русских другие субклады, нежели у скандинавов. Второе «положение» норманнистов сводится к тому, что скандинавов на Руси было «видимо-невидимо», что у норманнистов начала XX в. подхватил Л. С. Клейн. Как показано во многих наших работах, а также в последующих частях настоящей книги, в России практически нет потомков скандинавов, основной субклад гаплогруппы R1a которых был Z284.