

Чумовая история поггенетиков

Совсем недавно в журнале *Cell* вышла статья международного авторского коллектива из семи человек, которые работают в организациях Франции, Швеции, Дании, Англии и США. Название статьи весьма научное, то есть скучное для обычного читателя, и в переводе на понятный многим язык звучит как «появление и распространение самого древнего штамма чумы в ходе неолитического упадка». Как можно понять из названия, авторы довольно прозрачно намекнули, что гибель «Старой Европы» была вызвана распространением чумы. А дальше, в самой статье, они уже это практически утверждали. Посмотрим, на каком основании. Но для начала рассмотрим, какие еще есть соображения и данные о том, что «Старая Европа» тысячелетия назад погибла.

Гипотезы и данные о «гибели Старой Европы»

Гипотеза (довольно быстро подхваченная и ставшая теорией), что «Старая Европа» погибла примерно 4-5 тысяч лет назад (хотя датировки у ряда авторов немного расходятся) была выдвинута литовско-американским археологом Марией Гимбутас еще в 1950-х годах, то есть примерно 60 лет назад, и согласно этой теории (которую еще называют «курганной теорией») в те времена орды конных «индоевропейцев», которые традиционно в степях возводили курганы, ворвались в Европу то ли с берегов Волги, то ли из Причерноморья, то ли из каспийских степей, то ли из ямной культуры (которая была отмечена во всех этих регионах, и датируется 5300-4600 лет назад). Эти «индоевропейцы» якобы практически уничтожили коренное население Европы, а оставшимся в живых принесли свой индоевропейский язык. Так, по теории Гимбутас, Европа и заговорила на индоевропейских языках, судя по всему, около пяти тысяч лет назад.

У этой теории и сейчас есть свои последователи, в основном на Западе (хотя и там есть немало критиков). Среди советских, а затем российских археологов и историков последователей Гимбутас мало. Соответствующая статья есть в Википедии, правда, под названием «курганная гипотеза», и статья утверждает, что «Гипотеза является наиболее популярной в отношении происхождения протоиндоевропейского языка». Данные и выводы ДНК-генеалогии не оставляют от этой «теории»/«гипотезы» камня на камне – (1) и в том отношении, что никакие «индоевропейцы» с востока в Европу не врываются и не могли врваться, поскольку индоевропейцы (носители гаплогруппы R1a) передвигались в противоположном направлении – с запада на восток; (2) и в том, что насельники ямной культуры (захоронения, в частности, в Самарской области и в Калмыкии) имели гаплогруппу R1b, которая прибыла из Сибири через Среднюю Азию, и передвигались в этом направлении как минимум между 15 и 8 тысяч лет назад, и никаких индоевропейских языков на этом пути почерпнуть или придумать не могли; (3) и в том, что носители R1b в Индии не замечены, хотя индоевропейские языки туда были принесены в середине II тыс до н.э., так что R1b (ямная и хвалынская культуры, в частности) к индоевропейским языкам отношения не имеют; например, из 367 браминов (высшая каста Индии) ни один не имел гаплогруппу R1b, при том, что практически все имели гаплогруппу R1a; (4) и в том, что насельники ямной культуры и их потомки имели

не просто гаплогруппу R1b, а R1b-M269-L23-Z2103 и нижестоящие субклады, которых в Европе практически нет, а есть в обилии на Кавказе и Ближнем Востоке, так что направление миграции ямников было не в Европу, а на юг, на Кавказ и далее в Месопотамию. Те немногочисленные носители Z3103, которые есть в Европе, имеют относительно недавних общих предков, следовательно, их предки прибыли относительно недавно, не в далекие 4-5 тысяч лет назад, как предполагала М. Гимбутас, а кто на переходе от старой к новой эре, а кто и более недавно.

Но, с другой стороны, Гимбутас же опиралась на действительные археологические данные, которые показывали массовые разрушения и поджоги поселений в Европе тех времен, 4-5 тысяч лет назад. Иначе говоря, «старая Европа» действительно погибла. И ДНК-генеалогия говорит о том же – практически все гаплогруппы «старой Европы», среди них E1b, G2a, H, I1, I2a, R1a, погибли, или бежали на периферию Европы, в Скандинавию, на Британские острова, в Малую Азию, на Русскую равнину. Пройдя бутылочное горлышко популяции, они появились на новых территориях через несколько столетий после «гибели старой Европы» (E1b, 3700 лет назад) или более чем через тысячелетие (I2a на Балканах, 2300 лет назад), или почти сразу же, но на другой территории (на Русской равнине), как гаплогруппа R1a, около 5000 лет назад.

Европейские коренные гаплогруппы погибли именно тогда, когда носители гаплогруппы R1b, эрбины, активно заселяли Европу (4800-4000 лет назад) как носители культуры колоколовидных кубков (ККК). Самые древние сведения о ККК относятся к временам 4800 лет назад (найжены на территории современной Португалии), и именно в те времена на Пиренейском полуострове образовались оба основных субклада гаплогруппы R1b, P312 и U106 (35 и 33 снипа назад, то есть примерно 5000 и 4800 лет назад, поскольку снипы, то есть необратимые мутации Y-хромосомы, образуются в среднем раз в 144 года в расчете на референсный фрагмент Y-хромосомы размеров в 8.5 миллионов нуклеотидов, по данным коллектива YFull, многократно подтвержденным). Уже через несколько веков носители ККК, в том числе субклада R1b-P312, были на территории современной Германии (археологические датировки захоронений 4290 ± 85 и 4270 ± 40 лет назад).

То, что «гибель старой Европы» произошла как результат фактического геноцида коренного населения Европы эрбинами, носителями гаплогруппы R1b, показывает то, что совпадает и время заселения Европы эрбинами со временем исчезновением коренных гаплогрупп, и данные по разрушению поселений в Европе в те же времена, и то, что гаплогруппа R1b – единственная, которая осталась в Европе после исчезновения автохтонов, и не только осталась, но и продолжает доминировать в Европе с тех пор, составляя сейчас примерно 60% мужского населения Европы. И не только это – но и то, что мужчины «старой Европы» практически исчезли, а женщины остались, более того, некоторые гаплогруппы, особенно митохондриальная гаплогруппа H, пошли по численности в рост (данные французских авторов Ricaut, Lacan, Crubezy и др., *Advances in Anthropology*, 2012), а гаплогруппа H и сейчас занимает в среднем первое место по численности в Европе. Цитируем этих авторов – *«Наблюдается удивительно малое изменение в разнообразии митохондриальных гаплогрупп от халколитического периода (медного века, примерно от 5500 лет назад в Европе) до нашего времени»*.

Поэтому любые версии о катаклизмах или массовых эпидемиях в Европе в те времена, которые бы привели к массовой гибели населения, не выдерживают критики. Тем более когда игнорируют приведенные выше данные по женским, митохондриальным ДНК.

Но, как можно заключить, «геномные поггенетики» об этом не знают, или делают вид, что не знают. Во всяком случае, в недавно опубликованной статье, упомянутой в самом начале, об этом не сообщают. Вместо этого, на основании полученных ими данных предполагают, что коренное население Европы погибло от чумы, занесенной торговцами с востока, а может, и от культуры Триполья в Восточной Европе. На основании именно чего они там предполагают? Рассмотрим...

Что именно авторы статьи нашли? Факты? Основной вывод?

Как ни удивительно, вся концепция статьи и ее основные выводы базируются на единственном факте – находке древнего штамма патогена (чумы) *Yersinia pestis* в захоронении неолитического периода в Швеции с датировкой 4900 лет назад (5040-4867 лет назад). Авторы сообщили, что это культура воронковидных кубков (принятая датировка 6000-4700 лет назад, эпоха позднего неолита на севере Европы). Хотя авторы сообщили, что этот штамм не дожил в коллекциях патогенов до настоящего времени, и его патогенная эффективность сейчас неизвестна, это не помешало им сделать вывод, что чума «likely contributed to the decay of Neolithic populations in Europe», в переводе «вероятно, сделала вклад в заметное уменьшение неолитической популяции в Европе». Термин «лайкли» российскому читателю уже знаком, даже тем, кто не в дружбе с английским языком.

Впрочем, это типичный стиль поггенетиков. Но поскольку этого для статьи мало, то они обычно начинают накручивать материал, который прямого отношения к основному выводу не имеет, но иногда является сам по себе информативным. Вот и здесь – авторы сделали геномную реконструкцию ископаемого штамма *Yersinia*, и прошлись по сотням древних геномов, чтобы посмотреть, а нет ли в них характерных нуклеотидных «подписей» чумного патогена. Иначе говоря, кто из древних обитателей Евразии тоже мог иметь подобный патоген, и где и когда он жил. Это, по мысли авторов, могло бы предположить, откуда тот патоген мог быть занесен в Европу.

По всей Евразии нашли еще десяток *Yersinia pestis* и *Yersinia pseudotuberculosis*, последний не то же самое, но относительно близок, хотя вызывает только лихорадку с симптомами аппендицита. Оказалось, скандинавский патоген – самый древний из найденных авторами. Это не помешало авторам заключить, что он был занесен в Европу с Востока. В короткий список носителей с подозрениями на подобный патоген был занесен и носитель гаплогруппы R1a из Южного Урала, синташтинской археологической культуры, захоронение с датировкой 4200±130 лет назад. В том же списке в основном древние женщины, из андроновской культуры (мтДНК U4a1b), с датировкой 3700±60 лет назад, из сибирской афанасьевской культуры (мтДНК J2a2a и T2c1a2), обе с датировками 4800±100 лет назад, из Эстонии (мтДНК H5a1), с датировкой 4700 лет назад, и так далее. Археологические датировки могут быть близкими к шведскому захоронению, но штамм все равно более поздний по своей филогении. Никаких сведений, что перечисленные носители субкладов умерли от чумы, у авторов, разумеется, не было. Тем не менее все они, как ни удивительно, были объявлены как «исходные», которые и «заразили Европу». То, что насельники синташтинской археологической культуры (гаплогруппы R1a) в Европу не ходили, а ушли в Индию, авторы, видимо, не знают. Либо опять эти сведения игнорируют.

Заодно авторы решили, что чуму в Европу принесли, или могли принести насельники ямной культуры, о которой говорилось выше в этом очерке. При этом авторы явно основывались на «теории» М. Гимбутас, которая, как это ни забавно, была «подтверждена» другими геномными популяционными генетиками (Наак и др., 2015), которые якобы показали, что геном обитателей ямной культуры «похож» на геном современных европейцев. Эта забава, а точнее, забавное недоразумение, очень характерны для «широкогеномных» популяционных генетиков, и вытекают из фундаментальной проблемы «широкогеномного анализа». Они знают, что преобладающая гаплогруппа в Европе – R1b, и видят, что преобладающая (точнее, единственная) гаплогруппа в ямной культуре – R1b (из одиннадцати образцов все одиннадцать были R1b). Ну, значит, они перешли в Европу по кратчайшему, прямому пути, тем более что и М. Гимбутас об этом говорила (говорила не о R1b, конечно, а о переходе в Европу). То, что субклады гаплогруппы R1b в ямной культуре почти не наблюдаются в Европе, а наблюдаются массово на Кавказе и в Турции, о чем шла речь в этом очерке выше, они не знали или не подумали. На самом деле причина недоразумений еще глубже, и действительно является фундаментальной – «похожесть», которая используется в «широкогеномном» анализе является настолько грубой, что не может различить, например, гаплогруппы R1a и R1b, геномные диаграммы выглядят одинаково. Поэтому этот «широкогеномный» анализ имеет практически бесконечное количество степеней свободы и столько же вариантов выводов. Именно потому «широкогеномные» пришли к выводу, что культура шнуговой керамики (гаплогруппа R1a) образовалась из ямной культуры (гаплогруппа R1b), о чем директор института археологии в штате Юта в США сообщила, что это «фантастическая безграмотность». Аналогично, «широкогеномные» решили, что срубная культура (гаплогруппа R1a) образовалась тоже из ямной (гаплогруппа R1b). Действительно, фантастическая безграмотность. Короче, ямная культура в переносе чумы в Европу не при чем, а если каким-либо образом оказалась при чем, то уж точно не тем путем, который выдвинули авторы.

Потом авторы решили выяснить, каким образом эти восточные штаммы прибыли в Европу, и, соответственно, ее заразили. Рассмотрев разные варианты (которые тоже вызывают удивление, но не будем о печальном), авторы решили, что никаких массовых миграций с востока в Европу в те времена не было, и что остаются только торговые пути. Таким образом был сделан еще один вывод, ранга most likely, то есть наиболее вероятно, что чуму в Европу (сомнений об этом у авторов уже не было) занесли торговцы. И что это и было причиной краха неолитической популяции в Европе. Других вариантов они не рассматривали. Как опять же ни удивительно, они при этом не вспомнили о ямной культуре, насельники которой якобы ворвались в Европу, якобы принесли индоевропейский язык, и якобы чуму. Вообще удивления статья уже не вызывает, там столько зигзагов и нестыковок, столь характерных для популяционных генетиков, что остается только махнуть рукой.

Авторы многократно вспоминали трипольскую культуру Дунайско-Днепровского междуречья, что, возможно, чума в Европу пришла оттуда. Основания? По соображениям авторов, там были большие города, значит, скученность и антисанитарные условия, значит, и чума возможна, а оттуда до Европы и рукой подать. Одна проблема – наука не продвигается словами «возможно», это надо доказывать и обосновывать. Но у популяционных генетиков, как мы видим, своя «система» – возможно, по-видимому, почему бы и нет?

В итоге – «фантастическая безграмотность». Это не касается сводки их данных по выявлению бактерий и бацилл *Yersinia* в древних захоронениях, кому-то и пригодится, только к выявлению древнего штамма в шведском захоронении 4900 лет назад, и тем более к якобы чуме в Европе в бронзовом веке это никакого отношения не имеет. Или попросту не доказано. К тому же не приняты во внимание другие факторы истории неолита и бронзового века в Европе, которые тоже стоило бы рассмотреть. Например, что тогда же в Европу пришли эрбины и быстро, за несколько веков расселились по континенту, и что мор и прочие катаклизмы их почему-то не затронули, как не затронули и женщин, которые, как описано выше, как жили в Европе с каменного века, так и продолжали жить до настоящего времени, и сгинули почему-то только мужчины, причем буквально всех гаплогрупп, кроме R1b, и женской гаплогруппы H, которую эрбины, по имеющимся данным, привели с собой. Надо же, какая деликатная «чума» была к эрбинам и к женщинам.

Вывод простой – «версия» с гибелью «Старой Европы» от чумы не проходит по причине полной ее недоказанности. Более того, факты и наблюдения полностью против предположения, выдвинутого авторами статьи. Авторы статьи не учли другие известные факторы, сделав однобокий крен в сторону голого предположения. Впрочем, это обычное дело для попгенетиков.

*Анатолий А. Клёсов,
доктор химических наук, профессор
президент Академии ДНК-генеалогии
<http://dna-academy.ru/>*