

Остановите Савельева!

О профессоре С. Савельеве я услышал около года тому назад. К моему выступлению на телестудии «День ТВ» прибыли вопросы от зрителей предыдущей передачи, и среди них выделялись несколько вопросов, показывающие чудовищную безграмотность того, кто их задал. Безграмотность бывает разная – например, человек просто не знаком с предметом, в данном случае с ДНК-генеалогией. Это – нормальное дело, знакомы не все, и я на такие вопросы с удовольствием отвечаю. Но бывает, что человек с предметом не знаком, но вопросы задает с неприкрытой агрессией, обычно это даже не вопросы, а совершенно безграмотные, но категоричные «установки». Те вопросы-установки были от Савельева, и касались мутаций в ДНК, которые, по его «установкам», являются липой и фикцией, и на них ничего нельзя основывать, тем более в науке.



Я мысленно пожал плечами, мысленно же покрутил пальцем у виска, и на его категоричную чушь в передаче ответил, кратко рассказав, какие мутации мы в ДНК-генеалогии изучаем, что мы работаем почти исключительно с мутациями (мужской) Y-хромосомы и почти не затрагиваем (женские) митохондриальные ДНК, но не потому, что что-то против женщин имеем, а потому, что мтДНК значительно менее информативны для ДНК-генеалогии. Женщины обычно приходят к мужу в его селение, где мужчины продолжают свой род (разумеется, по мужской линии) столетиями. Рождаются в селении девочки – в свое время уходят как невесты и жены в другие селения в округе, а то и дальше; другие невесты и жены приходят из других мест,

и таким образом мужчины в значительной степени привязаны к своему селению, а женщины распределяются по значительным территориям. Из гарема выходит только одна Y-хромосома, и множество митохондриальных ДНК, своя от каждой жены и наложницы – если, конечно, гарем большой. В итоге Y-ДНК часто имеют определенную привязку по территориям, а мтДНК «размазаны» по континентам. Например, в Европе Y-хромосомная гаплогруппа R1b в основном выражена в западной и центральной части континента, ее там примерно 60%, а гаплогруппа R1a в основном выражена в восточной его части, ее там примерно 50%. А вот женская гаплогруппа H и в западной, и в восточной Европе, и, например, в Финляндии выражена одинаково, ее там везде примерно по 40%. А в той же Финляндии мужская гаплогруппа уже в основном другая, N1a1, которой там от 60% (в городах) до 74% (на периферии), хотя в центральной и западной Европе гаплогруппы N1a1 уже практически нет.

Это не значит, что изучение мтДНК бесполезно, вовсе нет. На уровне континентов мтДНК заметно и стабильно различаются. Некоторые специальные задачи можно решать и «локально» с использованием мтДНК, но такие задачи обычно заключаются в банальном описании, где что нашли, и в сведении этих данных в таблицы, авось кому пригодится. Вот простой пример – на Русской равнине археологи давно идентифицировали древнюю ямную культуру, с датировкой между 5300 и 4600 лет назад. Недавно с двух древних территорий ямной культуры, в Самарской области и в Калмыкии, извлекли более десятка костяков, и определили их Y-хромосомные гаплогруппы и мтДНК. Все 11 древних ямников показали гаплогруппу R1b. Другими словами, это было племя эрбинов, носителей гаплогруппы R1b. А вот мтДНК были следующими (приведем только три первых, основных символа, как и в Y-хромосоме): H2b, H6a, H13a, T2a (две), T2c, U4, U4a, U5a (две), W3a, W6c.

Ясно, что никакой специфики по (женским) мтДНК здесь нет. И это – обычная картина при рассмотрении мужских и женских гаплогрупп, как в древности, так и в современности. Еще одна причина, почему в ДНК-генеалогии мтДНК почти не рассматриваются – датировки гаплотипов и сипов Y-хромосомы хорошо отработаны, по этим вопросам монографии и учебники написаны (последний учебник – **«Практическая ДНК-генеалогия для всех»**, М., Концептуал, 2018, 361 стр.), а для мтДНК популяционной генетики так и не пришли к консенсусу, датировки для мтДНК весьма условны, с гигантскими погрешностями и условностями.

Итак, на вопрос я в передаче ответил, не преминув отметить, что агрессивность и категоричность автора вопроса показывает, что это не только не специалист, а откровенный дилетант. Фамилию автора вопроса, что это профессор Савельев, я, разумеется, не привел. Наверно, зря не привел, не было бы продолжения. Но после передачи поинтересовался, что за фрукт такой. Оказалось, что «палеоневролог», доктор биологических наук, зав. лабораторией развития нервной системы Академии медицинских наук. Стало понятно, почему он не в ладах с ДНК, это не его специальность. Правда, осталось непонятным, почему он, не разбираясь в ДНК, и тем более в ДНК-генеалогии, несет такую чушь в публичном пространстве. Но, послушав позже одно из его выступлений об особенностях работы мозга, понял, что он там по сути про себя рассказывал. Что есть, мол, такие индивидуумы, что в тематику принципиально не «врубаются», и с такими бесполезно что-либо обсуждать.

Бесполезно с ним что-либо обсуждать (кроме, наверное, вопросов развития нервной системы) еще и потому, что уж очень он эклектичен. Видимо, изучать нервную систему и мозг в своей лаборатории ему не очень интересно, вот он и кидается из темы в тему, и уже можно представить уровень его компетенции в других вопросах, что к функционированию нервной системы отношения не имеет. Вот беглый перечень его тем в «публичном пространстве»: «почему мигранты умнее нас» (?), «расовые различия», «об обнаженке», «в здоровом теле – здоровый дух», «про женскую логику», «о смехе», «о религии», о тех, кто вступает в ИГИЛ, «нужны ли женщины», «о воспитании детей», «о коммунизме», о том, «зачем девушки поступают в престижные вузы», «о влиянии соли на человека», о современной молодежи, «про

любовь к негодьям», «о самореализации», о том, что Бога нет, «про гениев в музыке», «о гомосексуализме», «о разнице полов», «о мировом рынке труда», который «на грани катастрофы», «о тренировке силы воли», «экстрасенсы, религия, наука», о феминистках, «про йогу и пранаяму», далее везде. Не устали? И это не считая еще более экзотических эмпирей (в смысле – отрыва от реальной действительности), что якобы обезьяны – это продукты деградации человека. Но поскольку мы уже поняли, что с ДНК у Савельева отношения не сложились, то ожидать от него, чтобы он посмотрел на картину мутаций в ДНК любой обезьяны, на выбор Савельева, и в ДНК человека – конечно, не приходится. Он же в мутации не верит, как ничейная бабушка в Вороньей слободке не верила в электричество.

Посмеялся я, и про Савельева забыл. Но скоро он всплыл опять, и не один раз. Приведу цитату со ссылкой на Савельева:

«ДНК-генеалогия, которая уже доказано, строится на ложных биологических основаниях - т.к. в одной и той же клетке может существовать до десяти различных митохондриальных геномов, что ставит крест на любых попытках выведения родства на основе сравнения мутаций разных митохондрий».

Эту же глупость Савельев, который не понимает элементарных сведений в биологии, не говоря уже о ДНК-генеалогии, бездумно повторил в ролике о «пшике митохондриальной ДНК»: <https://www.youtube.com/watch?v=IXymCVEU9qY> Как можно так позориться? Он, видимо, услышал о статье Жаклин Моррис в журнале Cell Reports (декабрь 2017), и все перепутал. Речь там идет о митохондриальных заболеваниях, и о явлении, давно известном как гетероплазмия. Посмотрел хотя бы в Википедии на статьи «Гетероплазмия» или «Гетероплазмия митохондриальной ДНК». Никакой крест ни на чем это не ставит. Проверка проста – разошлите образец своей ДНК в несколько лабораторий и закажите определение мтДНК. Все лаборатории выдадут один и тот же результат. Но Савельев «ставить кресты» любит, как цитируется дальше.

И затем – по известной поговорке «Никогда не было, и вот опять». В сети появился ролик с моей заглавной фотографией по линку: <https://www.youtube.com/watch?v=n169phlZ5Rg>

Натурально, я заинтересовался, что же там Савельев такого негативного нашел, я же ему в своей передаче все объяснил. Но Савельев, как положено, в очередной раз демонстрировал на натуре особенность своего головного мозга - что есть, мол, такие индивидуумы, что в тематику принципиально не «врубаются», и с такими бесполезно что-либо обсуждать.



ДНК-генеалогия -
липа и
спекуляции!
Савельев

Ролик небольшой, на пару минут, но наполнен такой концентрацией «неврубаемости», что любого нейрофизиолога заинтересует, а особенно психиатра. Я, признаться, не мог удержаться от смеха, когда его, Савельева, там слушал. А потом опечалился – что это за доктор биологических (!) наук такой, который ведет себя как жертва ЕГЭ? Давайте пробежим содержание его речи, она того стоит.

Начнем с заголовка. Я выше упоминал, что ДНК-генеалогия, как правило, работает с Y-хромосомами, не с митохондриальными ДНК, и пояснил причины. Савельев же о Y-хромосоме ни слова не сказал, вместо того обрушивался (совершенно безграмотно) именно на мтДНК. Да, популяционные генетики в своей массе работают с мтДНК, в основном занимаясь их описанием в разных регионах мира и сведением получаемых данных в таблицы, но они не используют термин «ДНК-генеалогия», потому что то, чем они занимаются, это не ДНК-генеалогия. Поэтому название ролика – уже профанация, **Савельев не понимает, о чем говорит.**

Кстати, ДНК-генеалогия не занимается и геномом человека, кроме немногих специальных случаев, для получения снипов и гаплотипов. Геном человека обычно анализируют с применением формализованных компьютерных программ, и получают формализованные же показатели. При этом исследователи сваливают в одну кучу геномы мужчин и женщин, обрабатывают «поперек» гаплогрупп и смотрят на «похожести» с референсными геномами, опять с помощью формализованных компьютерных программ. Как правило, никаких определенных ответов при этом не получают, что иллюстрируют соответствующие академические статьи. Многие такие статьи разобраны на Переформате (<http://pereformat.ru/klyosov/>).

Итак, название ролика – уже профанация. Она отражает уровень понимания доктора биологических наук Савельева в предмете его «критики». Понятно, что уровень – ниже некуда.

Далее, доктор наук Савельев начал свою речь с того, что сокрушенно сообщил слушателям, что *«Первое - генеалогия строится не на генах, а на мутациях»*. И добавил – «Забудьте об этом». Если Савельев хотел продемонстрировать косоязычие, то с успехом этого добился. О чем забыть-то? Что не на генах? Что на мутациях? Может, он хотел сказать противоположное, типа «запомните это»? Но здесь нечего и запоминать, то, что ДНК-генеалогия гены не рассматривает – это базовое положение ДНК-генеалогии. Оно идет под номером 1 в моем учебнике «Практическая ДНК-генеалогия для всех» (М., Концептуал, 2018, стр. 46), в ряду «18 правил ДНК-генеалогии». Приведу соответствующую цитату, которая начинается в учебнике объяснение данного правила:

Правило первое — к генетике ДНК-генеалогия прямого отношения не имеет... ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота) — это не только гены. Гены вообще занимают только 1,9% последовательности ДНК. Остальные 98,1% — длинные участки, так называемые «никчёмные». Генов там нет.

В ДНК есть протяжённые тандемные последовательности нуклеотидов, в которых, повторяем, генов нет, и эти последовательности детально копируются при передаче наследственной информации от отца к сыну. Мы специально пишем «от отца к сыну», потому что в этой книге речь идёт только о «мужской» наследственной информации, передаваемой с мужской половой Y-хромосомой. У женщин её, этой хромосомы, нет.

И далее:

Эти негенные участки ДНК в мужской Y-хромосоме, одной из 23 хромосом, которые доставляются сперматозоидом в организм будущей матери, копируются от отца к сыну, поколение за поколением. Поскольку у матери такой хромосомы нет, то сын наследует её только от отца. Хромосомы сплетаются с материнской ДНК и образуют новую комбинированную молекулу ДНК, в которой хромосомы отца и матери перетасовываются. Перетасовываются все, кроме мужской Y-хромосомы.

Так и получается, что отец передаёт сыну эту Y-хромосому интактной, строго скопированной со своей. Свою Y-хромосому он получил от своего отца. Тот — от своего. И так далее, на тысячи, десятки тысяч и сотни тысяч лет вглубь, назад, к далёким предкам современных людей и к предкам тех далёких предков.

Теперь понятно, почему ДНК-генеалогия не рассматривает гены. Они у ребенка перетасовываются (рекомбинируются) от отца и матери, и уже через несколько поколений получается астрономическое количество комбинаций. Поэтому ДНК-генеалогия в подавляющем числе случаев анализирует только мужскую линию, в которой Y-хромосома остается почти интактной на глубину во многие тысячелетия и десятки тысяч лет. В этой линии изменяются только относительно немногие нуклеотиды, именно за счет мутаций, результаты (субклады, снипы, гаплотипы) довольно легко анализируются и обрабатываются несложными расчетными методами. На этих мутациях и строится ДНК-генеалогия. Так что здесь Савельев ломится в открытую дверь.

Но это симптоматично, что Савельев вместо «запомните это» сказал «забудьте об этом». Оговорка по Фрейду, отражающая его негативную природу, в отличие от позитивной, которая у Савельева отсутствует. Многие, наверное, помнят притчу о попе, который тонул, и никак не реагировал на призыв спасателя «дай руку». Спасателю прокричали, что, мол, сейчас потонет, потому что слово «дай» он не воспринимает. Надо ему крикнуть «возьми руку», тогда схватит. Так и Савельев – даже не к месту, косноязычно, но говорит «забудьте». Натура такая.

Но слушаем дальше. **Савельев сокрушенно продолжает: «мутаций – ограниченное число».** И перескакивает дальше, не поясняя, в чем же проблема с «ограниченным числом». И сколько это – «ограниченное число». Судя по последующему, этого он не знает, потому и перескакивает. На самом деле мутации есть двух типов – необратимые (снипы) и обратимые (стиры). Первых, снипов, в Y-хромосоме – многие десятки тысяч (в последнем списке ISOGG-2019 их 81 617). Это как – «ограниченное число»? Да, технически ограниченное. Но это число снип-мутаций позволяет проводить детальный ДНК-генеалогический анализ любого мужчины, прослеживая эти мутации от общих предков человека миллионы лет назад до отдельных современных семей, «ячеек общества». Последние называют «приватными мутациями». Вторых, стиров, в Y-хромосоме по оценкам две с половиной тысячи. Они представляют собой повторяющиеся фрагменты, называемые тандемными, их же называют «маркеры». Мутации в маркерах – это изменение числа повторов. Маркеры составляют в гаплотипы, и в наиболее часто используемых гаплотипах таких маркеров было еще недавно от 6 до 25, сейчас 37, 67 и 111, технически уже получают гаплотипы из более чем 500 маркеров, а возможно, как указано выше, получение гаплотипов протяженностью до 2500 маркеров, и в каждом маркере возможны обратимые мутации. Это как – «ограниченное число»? Технически – да, ограниченное, а практически это число мутаций позволяет проводить анализ любого количества гаплотипов по числу и расположению в них мутаций. Калькулятор Килина-Клесова (*Advances in Anthropology*, 2016), <http://dna-academy.ru/kilin-klyosov/>, позволяет анализировать одновременно 10 тысяч гаплотипов в 111 маркеров каждый. Это – более чем достаточно для решения практически любых расчетных задач ДНК-генеалогии.

Резюмируем первые несколько секунд откровений Савельева. Кроме слова «профанация» другого подобрать трудно. Полное незнание и непонимание ДНК-генеалогии.

Дальше – больше. Цитируем Савельева, опять сдерживая смех. То ли гомерический, то ли саркастический, то ли с оттенком соболезнования.

«Второе – все сегодняшние работы, построенные на митохондриальных ДНК, являются липой, по одной простой причине – там всего чуть больше двух десятков генов, в которых определены мутации, то есть там 30 признаков, и на них строится вся генеалогия».

Савельев опять пугает гены и ДНК-генеалогию. Последнюю гены не интересуют. Поскольку ДНК-генеалогия, как сообщается выше, рассматривает мтДНК относительно редко, и, как правило, как некую дополнительную информацию качественного характера, без расчетов, то этот пассаж Савельева выше можно было бы и проигнорировать, но там опять ошибка на ошибке. Попросту говоря, это полная ерунда. При рассмотрении мтДНК в расчет принимают не «30 признаков», а тысячи. Уже насчитывают многие сотни основных мтДНК гаплогрупп и субкладов, и в каждом есть подгруппы, и в каждой – свои мутации. Современная классификация митохондриальных гаплогрупп насчитывает их от Н до Х, и только в одной гаплогруппе Н насчитывают 174 субклада. Какие 30 признаков?

Слушаешь такое, и поражаешься, откуда такие профессора берутся? Такую чушь гонят, и что характерно – в агрессивно-негативном ключе. Кто бы – «санитаров!» – крикнул.

Хорошо, продолжаем дальше, хотя в цирк уже ходить не надо. Следующая цитата:

«Геном человека сделан для 9 процентов человеческих генов, для остальных – никакого генома не исследовано. Ставим крест».

Опять косноязычие Савельева не позволяет понять, на чем он ставит крест, и почему. На самом деле по результатам проекта «Геном человека» количество генов составило около 28 тысяч, и их продолжают секвенировать, но это-то здесь причем? Ему уже объясняли, что в ДНК-генеалогии гены не используются. Приведем аналогию – орнитологи занимаются, в частности, кольцеванием птиц, и это позволяет им выяснять пути миграций пернатых. И тут появляется Савельев и провозглашает – «ставим крест! А число перьев-то при этом не подсчитано! И геном птиц не полностью изучен!». Орнитологи вызывают санитаров.

Продолжаем, следующая безумная цитата:

«При этом в основе генеалогии два признака – мы должны верить, что первая мутация в митохондриальной ДНК возникает один раз, и никогда не исчезает, а второе – мы должны верить, что эта мутация никогда в жизни вторично появиться не может. Вот – два канона веры, на которые ни один генетик ответить не может. Поэтому все построения на мтДНК, и тем более на структурной ДНК являются липой и спекуляцией, которые не выдерживают критики».

Уфф... Вообще-то «структурной ДНК» не бывает, бывают структурные белки, у ДНК бывают структурные функции, ну да дадно. Видимо, Савельев хотел сказать «ядерная ДНК» (поскольку она находится в ядре эукариотической клетки), но он «языков не знает», как говаривал известный герой Гражданской войны. Поскольку у Савельева это «тем более», то ответим в отношении Y-хромосомы, которой в основном и занимается ДНК-генеалогия. Да, снип-мутации появляются один раз, и не исчезают, во всяком случае это «исчезновение» никогда не было показано. У шимпанзе, например, более 95% мутаций в Y-хромосоме совпадают с таковыми у человека, во всяком случае в тех областях Y-хромосомы, которые сравнивали друг с другом. Это значит, что за 5 миллионов лет, в ходе которых ДНК-линии будущего человека и будущего шимпанзе расходились, мутации не исчезли, а так и остались на своих местах. Пять миллионов лет для Савельева достаточно? Нет? Хорошо, возьмем макаку, с которой общий предок у человека был примерно 25 миллионов лет назад. А мутации в основном те же, сохранились. Теперь достаточно?

А если какая мутация и «исчезла», по терминологии Савельева, так что с того? Мутация в каком-то нуклеotide проскочила, например, С>Т (цитозин превратился в тимин), потом, допустим, через какое-то время, в том же нуклеotide тимин превратился в цитозин (Т>С), и мутации как бы не было. Поэтому ее и обнаружить напрямую практически невозможно, слишком долго ждать придется. А главное, зачем? Ну, не было мутации, а потом опять же не было. Дел-то... И еще – в Y-хромосоме примерно 58 миллионов нуклеотидов, и вероятность того, что именно в этом нуклеotide мутация произойдет вторично, причем обратно, крайне мала – на уровне миллионных доли процента. Так что здесь дело не в вере, а в базовом образовании, с

которым у Савельева, видимо, напряг. Что касается «никогда в жизни вторично появиться не может» - то почему же, такие случаи известны, зафиксированы и внесены в каталоги мутаций в ДНК. В классификациях мутаций такие обозначены номером снипа с точкой и дополнительным порядковым индексом, как, например, снипы L132.1 и L132.2, первый – в гаплогруппе F, второй – в гаплогруппе R1b. И тот, и другой снип проскочили путем замены тимина на цитозин (Т>С) в нуклеотиде под номером 15 миллионов 352 тысячи 317, оба получили наименование L132, но чтобы их различать, они получили дополнительную нумерацию. Для ДНК-генеалогии это ровным счетом ничего не меняет, потому что гаплогруппы у этих снипов разные.

Аналогично, снипы M228.1 и M228.2, в гаплогруппах R1b и D1b, соответственно, произошли путем замена тимина на цитозин в одном и том же нуклеотиде (под номером 13 479 565). Или снипы M307.1 и M307.2, в гаплогруппах O1a и I1, замена гуанина на аденин в нуклеотиде под номером 20 589 065.

Надо бы профессору Савельеву подучить материальную часть, а то какая-то стыдоба получается. *«Ни один генетик ответить не может»*, надо же. И тут же истеричные *«липа и спекуляция»*, *«не выдерживает критики»*. Может, последовать схеме, предложенной классиками сатиры и юмора – «входит, выходит, смеется, застреливается»?

А стир-мутации, в гаплотипах, проскакивают относительно часто, раз в сотни и тысячи лет, и с такой же частотой «исчезают», это называется «возвратными мутациями». Их при расчетах учитывают, соответствующие расчеты внесены в калькулятор Килина-Клёсова, упомянутый выше. Для этого давно разработан соответствующий расчетный аппарат (см. упомянутый учебник «Практическая ДНК-генеалогия для всех»), и именно это позволяет датировать события древней истории. Так что Савельев продолжает нести ахинею.

Дальше – подобная же ахинея, которую он плотно упаковал в двухминутную речь. Савельев сообщает, что в суде Нью-Йорка что-то там не принимают, если *«анализ не сделан по 13 фрагментам ДНК, не связанным друг с другом»*. И продолжает – *«Откройте любую научную работу, опубликованную в нашей славной стране. Если вы найдете что-то сделанное на пяти фрагментах, это будет достижением»*. Интересно, а 111 фрагментов ДНК, не связанных друг с другом, Савельева устроит? Тем более что эти 111 фрагментов, так называемых тандемных участков Y-хромосомы, относятся к одному гаплотипу, а их, этих гаплотипов, в ДНК-генеалогии изучают десятки, сотни и тысячи серий. Выше дана ссылка на статью в журнале *Advances in Anthropology* (авторы А.А. Клёсов и В.В. Килин), там проведен анализ многих гаплотипов, и одна серия включает 3466 гаплотипов, каждый в 111-маркерном формате. Как, Савельева это устроит? Ну, не ахинею ли он гордит?

Заключает Савельев так, цитируем:

«Я бы сначала хотел услышать методическое основание для этих рассуждений. Они являются фальсификацией или обманом несведующих людей».

Задайте себе вопрос – что движет человеком, пусть профессором, который ни бельмеса не смыслит в предмете, который агрессивно «критикует», перепутав все на свете? Есть заинтересованные психиатры?

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