

## Миграции лангобардов глазами популяционных генетиков

В сентябре 2018 года в журнале «Nature Communications» вышла статья 24 авторов под названием (в переводе) «*Понимание социальной организации и миграции варваров в 6-м веке с помощью методов палеогеномики*». Как сообщает Абстракт статьи, варвары в данном случае – это племя лангобардов (лонгобардов, или ломбардов), которые по историческим данным между 4-м и 6-м веками нашей эры продвигались по миграционному пути от Скандинавии через Паннонию (к тому времени бывшую римскую провинцию в центральной Европе) до Италии.



*Продвижение лангобардов из северной Европы до Италии. Из Википедии.*

### Краткое историческое введение

Лангобарды были известны и до указанных времен, о них кратко писал римский историк Тацит в 1-м веке, а до него еще один римский историк описывал лангобардов как «превосходящих в жестокости даже германцев». Примерно тогда же Страбон сообщал, что лангобарды обитают на восточном берегу Эльбы, и ведут образ жизни кочевников. После того, как во времена римского императора Марка Аврелия (161-180 гг. н.э.) шесть тысяч лангобардов (с союзом с обиями) пересекли Дунай в Паннонии и были побеждены в схватке с римскими войсками, они на несколько веков исчезли из исторических хроник, до того времени, как в 6-м веке в союзе с аварами захватили западную часть Паннонии, которая в 5-м веке уже перестала быть римской провинцией. Вскоре после Паннонии лангобарды в 568 году вторглись в северо-восточную Италию и завоевали ее северную часть, основав Лангобардское государство со столицей в Павии. Сейчас там находится итальянская провинция Ломбардия.

Мы не будем здесь описывать историю военных походов и государственного устройства лангобардов. Достаточно сказать, что до вторжения в Италию у них сменилось 12 королей, и в ходе итальянского периода сменилось еще 24 короля. Но в контексте нашего изложения важно отметить, что лангобарды в ходе их продвижения с севера вступали в союзы с многими племенами, и с ними же время от времени воевали. Это – герулы, гепиды, авары, семноны, тюринги, бавары, руги, болгары, норрики, франки и многие другие. Хотя историки отмечают, что лангобарды не смешивались с местным населением, ДНК-генеалогия может показать, так ли это было. Завершим это историческое введение тем, что уже через несколько лет после вторжения в Италию лангобарды быстро продвинулись на юг Апеннинского полуострова, и расселились по всему полуострову (серый цвет на карте, источник - Википедия):



### **О чем обсуждаемая статья про лангобардов? Проблемы с «геномным анализом»**

Теперь пора вернуться к рассматриваемой статье. Судя по названию статьи, авторов интересовали два вопроса – социальная организация лангобардов и их миграции, причем авторы специально отметили, что их интересует именно 6-й век. И это понятно, почему – образцы ДНК для анализа они взяли из двух древних кладбищ, одно (Szolad) – в Паннонии, на территории современной Венгрии, с датировкой первой трети 6-го века (напомним, что вторжение лангобардов в Италию произошло несколько позже, в 568 году), второе (Collegno) – на территории северной Италии, вблизи Турина, захоронения датируются между 580 и 630 гг. Соответственно, образцы нумеровались с приставками CZ (таких было 39) и CL (24 образца). Оба кладбища отнесены к лангобардам на основе сходства материальных признаков (керамическая посуда, оружие, щиты), что, конечно, не исключает, что на тех же кладбищах могли оказаться посторонние люди, не лангобарды. Это и должен был показать, «по идее», геномный анализ.



Вопросы социальной организации лангобардов мы здесь рассматривать не будем, это не вопросы ДНК-генеалогии. Тем более что упор в этом отношении в статье делался на том, в каком порядке располагались индивидуальные захоронения, кто был в центре и кто располагался вокруг и по периметру (в отношении пола и родства). А вот интерпретации авторов статьи в отношении миграций лангобардов – на основании полученных ими данных – рассмотрим, это будет показательно для сравнения возможностей геномного анализа и ДНК-генеалогии. Хотя и из предыдущих «разборов полетов» давно стало ясно, что геномный анализ до уровня ДНК-генеалогии совершенно не дотягивает, когда речь идет о четкости и надежности выводов, о воспроизводимости и возможности проверки и перепроверки выводов.

Давно стало ясно, что геномный анализ в исполнении популяционных генетиков имеет практически неограниченное число степеней свободы, отсюда неопределенность, размазанность, вязкость описаний и выводов. В геномном анализе исходные данные на самом деле таковыми не являются, они уже продукт «компьютерной переработки» с обилием приближений, допущений и условных критериев, там на самом деле «идентичность по случайности», «идентичность по наследственности» и «идентичность по обязательной идентичности», и имеется по меньшей мере дюжина наиболее известных компьютерных программ, каждая из которых по-своему разделяет «идентичности» (понятие на самом деле условное) по перечисленным трем группам. Вот эти три группы, всегда перекрывающиеся, и попадают в руки исследователей, там компот еще тот, и исследователи ломают голову, как этот компот объяснить, или чаще подогнать к имеющимся представлениям исторических наук. Так и в этом случае – миграции лангобардов из Скандинавии в Паннонию и далее в Италию уже описаны историческими науками, но многие детали, конечно, неизвестны, и интересно, как эти миграции подтвердит геномный анализ (а он, конечно, подтвердит, просто по определению, зачем популяционным какие-то трудности?), и какие новые детали этих миграций исследователи вскроют, если, конечно, вскроют. Обычно не вскрывают, ограничиваются общими словами, по той же причине – зачем какие-то трудности? А то если вскроешь, так обосновывать же надо... Обратим на это внимание.

## Для сравнения – как работает ДНК-генеалогия

В отличие от геномного анализа, в ДНК-генеалогии исходные данные практически однозначны. Это – гаплогруппы, субклады, гаплотипы. Все три показателя воспроизводимы, размещены в открытых базах данных. Гаплогруппы и субклады однозначно определяются снипами, которые перекрестно воспроизводятся в различных лабораториях, гаплотипы однозначно определяются последовательностью (или набором) аллелей, то есть чисел, которые тоже перекрестно проверяются в различных лабораториях. Разница только в числе рассматриваемых маркеров гаплотипов, обычно от 12 до 111. Эти маркеры со временем мутируют, то есть численные показатели аллелей увеличиваются или уменьшаются, обычно на одну-две единицы, реже на несколько единиц, и число – суммарное или индивидуальное – таких мутаций, число маркеров, число гаплотипов в выборке или в серии, и табличная константа скорости мутаций – всё, что нужно для ДНК-генеалогии. Как видим, никакой исходной неопределенности там нет. Расчетный аппарат прост, его можно применять либо вручную, либо с использованием простого калькулятора Килина-Клёсова (*Advances in Anthropology*, 2016), результаты расчетов которого при желании можно без труда проверять тоже вручную.

Изучение миграций и их направлений можно легко определять с помощью ДНК-генеалогии следующим образом. Если, например, у лангобардов на кладбище в Паннонии найдена гаплогруппа I1, тем более если таких гаплогрупп там несколько или много, и определены ее субклады и гаплотипы, и такая же гаплогруппа и те же субклады (или один и тот же субклад) и близкие гаплотипы найдены в Швеции (древней или современной) и на кладбище в Италии, то можно определенно заключить, что эта ДНК-линия прошла от Швеции через Паннонию в северную Италию. Этот предварительный вывод можно сделать и без применения расчетного аппарата. Но лучше – с ним. Например, если определено даже всего пять (37-маркерных) гаплотипов гаплогруппы I1 на древнем кладбище предполагаемых лангобардов в Паннонии, например, таких:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 – 14 8 9 8 11 23 16 20 27 12 14 15 16 – 10 10 19 21 14 14 16 20  
36 37 12 10

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 11 19 21 14 14 16 20  
35 37 11 10

13 22 14 11 13 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 15 15 16 – 10 10 19 21 14 14 16 20  
35 37 12 10

13 22 14 10 13 14 11 14 10 12 11 28 – 16 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 10 19 21 13 14 16 20  
35 36 12 10

13 22 15 10 13 14 11 14 11 12 11 28 – 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 – 10 10 19 21 14 14 16 20  
35 37 12 10

то 12 мутаций между ними (отмечены) дают датировку их общего предка  $12/5/0.09 = 27 \rightarrow 28$  условных поколений назад, то есть за  $700 \pm 200$  лет до захоронения, то есть в конце прошлой эры. Здесь 0.09 – константа скорости мутаций для 37-маркерных гаплотипов, условное поколение – 25 лет, стрелка – табличная поправка на возвратные мутации (ее можно рассчитать и по несложной формуле, приведенной в книге «Практическая ДНК-генеалогия для всех», М., Концептуал, 2018). Если кому-то не понравится (по какой-либо затейливой причине), что за

поколение берется 25 лет, то нет проблем – берите любую понравившуюся продолжительность поколения, константа скорости мутации соответственно сдвинется, и в итоге получится ровно та же величина для времени жизни общего предка, а именно  $700 \pm 200$  лет до захоронения. Константа сдвинется, потому что в подобных расчетах фигурирует произведение  $kt$ , где  $k$  – константа скорости мутации,  $t$  – время продолжительности поколения. Изменили (калиброванную) константу – пропорционально изменится время.

Далее, если на кладбище в северной Италии будут найдены такие же гаплотипы, наряду с той же гаплогруппой и тем же субкладом, то вопрос о миграции станет значительно яснее. Кстати, 700 лет для гаплотипов – не срок, поэтому где в современной Европе будут найдены такие же гаплотипы при таких же гаплогруппе и субкладе, оттуда и вышли лангобарды I тыс н.э., или туда пришли. Если это Швеция – один вариант, если Германия – другой. И вот такая же операция должна быть проведена с другими гаплогруппами из тех же кладбищ. Если все сходится в Швеции – так тому и быть, если в Германии – быть исходной миграции там.

Разумеется, наука развивается, появляются новые экспериментальные данные в виде гаплотипов, ископаемых и современных, новые, более «глубокие» субклады, и данные уточняются. Но это относится к любой науке, в том числе (и в особенности) в естественно-научной области. Ниже мы покажем, как в отношении миграций работает геномный анализ.

### **Что авторы статьи нашли в отношении миграций лангобардов?**

Пойдем по обычному, принятому в науке пути – взглянем на Абстракт статьи и на ее Заключение. По правилам научных публикаций там приведены самые важные находки проведенного исследования, причем в конкретном виде, не общими словами. Там недопустимы описания типа «мы собирали грибы», там надо конкретно указать, сколько именно грибов собрали, каких конкретно грибов. Тем более недопустимо в Абстракте писать, что «грибы тысячелетиями входят в пищевой рацион человечества», что «еще в древней Руси население ходило по грибы – по ягоды», это в лучшем случае для Введения в статью. Абстракт должен быть конкретным и насыщенным данными и выводами, полученными в работе. Если Абстракт сообщает о важности направления данного исследования, о его предистории, о том, что было известно ученым до того – пиши пропало, это означает, что либо авторы плохо представляют себе важность Абстракта как сжатого источника полученных результатов и выводов, либо значительных результатов и выводов в работе просто нет. Есть «мы собирали грибы».

Итак, Абстракт. Как и ожидалось, а ожидалось, потому что это обычный стиль популяризаторов, Абстракт рассказывает о том, что «несмотря на столетия исследований, продолжаются горячие дебаты о миграциях варваров», о временах «восхода современных европейских обществ» и так далее. Уже становится ясным, что авторам сказать что-то новое особо нечего. Если напрямую – то вряд ли что-то новое нашли. После этого сообщается, что из двух кладбищ Венгрии и Северной Италии, которые были ранее «ассоциированы с лангобардами», извлечены 63 образца, для которых проведен геномный анализ. Далее говорится о том, что на этих кладбищах выявлены «не менее двух групп различного происхождения», которые «различаются их погребальными обрядами». Наконец, последняя фраза Абстракта сообщает, что «наши данные согласуются с предложенной протяженной миграцией из Паннонии в Италию».

Помилуйте, так эта миграция давно известна историкам и археологам. Так кем она «предложена» - авторами статьи? Или все-таки предложена давно - историками? Как водится, «геномные» популяризаторы прямой ответ не дают, да и никакого определенного ответа вообще.

«Данные согласуются». Попробовали бы они не согласовать. Об этой миграции уже полторы тысячи лет, как известно. Об этом писал еще византийский историк Прокопий Кессарийский (490/507 – 565 гг), P. Diaconus (720-799) и другие древние историки.

Хорошо, посмотрим на Заключение статьи. Оно говорит о том, что миграции лангобардов из Паннонии в Италию в конце 6-го века были «исторически документированы» (это мы и так знаем), что авторы статьи нашли «доминантную предковость» лангобардов из центральной или северной Европы на обоих кладбищах, и что генетические данных не показывают такую предковость ни в современной Венгрии, ни в современной северной Италии. Наш комментарий – это, конечно, более чем странно, что ни в Венгрии, ни тем более в Италии не осталось потомков лангобардов, которые расселились по всей Италии уже к последней четверти 6-го века (серый цвет на карте, источник - Википедия):



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

А дальше в статье начинается, а точнее продолжается вязкий, невнятный стиль, с предложениями сложной конструкции, из которого (стиля статьи) ровным счетом непонятно, что хотели сказать, и что сказали авторы. Вместо того, чтобы сообщить, что именно показывает продукт переработки компьютером в исторической интерпретации, авторы сообщают, как «генетические картины» смещаются по отношению друг к другу по времени и по географии. Вот – образчики: «геномы миграционного периода показывают довольно сильную корреляцию с современной географией». Пояснений нет. Как может геном «коррелировать» - остается непонятным. «Образцы из Szolad и Collegno с высокой концентрацией центральной/северной

*предковости генетически ближе к популяциям бронзового века к северу от Венгрии, чем к самой Венгрии». Видимо, авторы стремятся сказать, что лангобарды пришли с севера, и что их предки там жили еще несколько тысяч лет назад, в бронзовом веке, который в центральной Европе относят примерно к 4500-2500 лет назад, в Скандинавии – к 3700-2500 лет назад. Но напрямую они сказать не могут, наука у них такая, вокруг да около. Далее – «Венгрия показывает разнообразный и сдвигающийся генетический профиль от бронзового века к современности». Интересно, у какого региона нет «разнообразного профиля», и который бы не сдвигался от бронзового века? «Наблюдающаяся некоторая смесь индивидуальных резидентов как с центральной/северной предковостью, так и с южной предковостью представляется разумной». Далее, «наблюдение основного количества индивидуалов с центральной/северной предковостью в северной Италии бронзового века или современной Италии представляется неожиданным». Авторы, видимо, старались сказать что-то типа «откуда северяне оказались в Италии? Причем и в бронзовом веке, и в наши дни?» Причем, заметьте, они говорят это не с гаплотипами в руках, а усредняя геномы мужчин и женщин, которые бродили тысячелетия назад по всей Европе, и удивляются, откуда они оказались в северной Италии. Историки им же внятно рассказали про лангобардов, в частности, которые с севера пришли в Италию, чего уж тут удивляться про наше время. Да и про времена тысячелетия назад.*

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

Наконец, авторы удивляются, как так могло получиться, что на обоих кладбищах имеется такое большое «генетическое разнообразие», и сообщают, что все ли они лангобарды, или там хоронили и других «варваров» - проверить невозможно. Последний, заключительный абзац статьи опять говорит о «социальной организации» и «популяционной структуре». На этом всё заканчивается. Остается добавить, что вся статья с приложениями занимает больше 230 страниц, и содержит более ста рисунков.

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

### **Как авторы «геномной статьи» анализировали гаплогруппы и субклады предполагаемых лангобардов?**

Ответ прост – практически никак не анализировали. В основном тексте статьи гаплогруппы вообще не упомянуты, соответственно, никаких выводов или хотя бы предположений с привлечением гаплогрупп или субкладов, которые авторы посчитали бы важными, сделано не было. Это не удивительно, потому что тогда сразу бы обнаружилось, что геномный анализ ровным счетом ничего не дает. В приложениях на более чем 200 страницах гаплогруппы были



упомянуты несколько раз, но в самом общем виде – сколько процентов было тех или других суммарно (!) на обоих кладбищах – R1b 55.3%, I 26.4%, E1b1 и T1a – по 5.3% (то есть по два образца среди 38). Авторы, похоже, не очень знакомы с математикой, потому что при таких количествах образцов расчеты нельзя вести с точностью до десятых долей, там погрешности намного больше, и выражаются в целых числах. Но это для популяристов – обычное дело. Там же сообщено, что единственная гаплогруппа R1a, обнаруженная среди всех 38 образцов (в захоронении в Паннонии), часто встречается в восточной Европе. Авторы ошиблись, потому что по их же данным этот образец относится к субкладу R1a-Z284 (= S200), в восточной Европе такого субклада практически нет, это типичный скандинавский субклад, который часто встречается и на Британских островах. Очередная ошибка – авторы отнесли гаплогруппу I2a-CTS9183 (= CTS616) к Балканам, приняв ее за балканскую (и восточно-европейскую) ветвь I2a-Y3120. На самом деле ветвь I2a-CTS9183 западно-европейская, которая отделена от балканской десятками тысяч лет. Этот западно-европейский (по региону пребывания в нашей эре) снип образовался примерно 10 тысяч лет назад (67 снип-мутаций назад, каждая образуется в среднем раз в 144 года, по данным YFull), и замыкает цепочку снипов

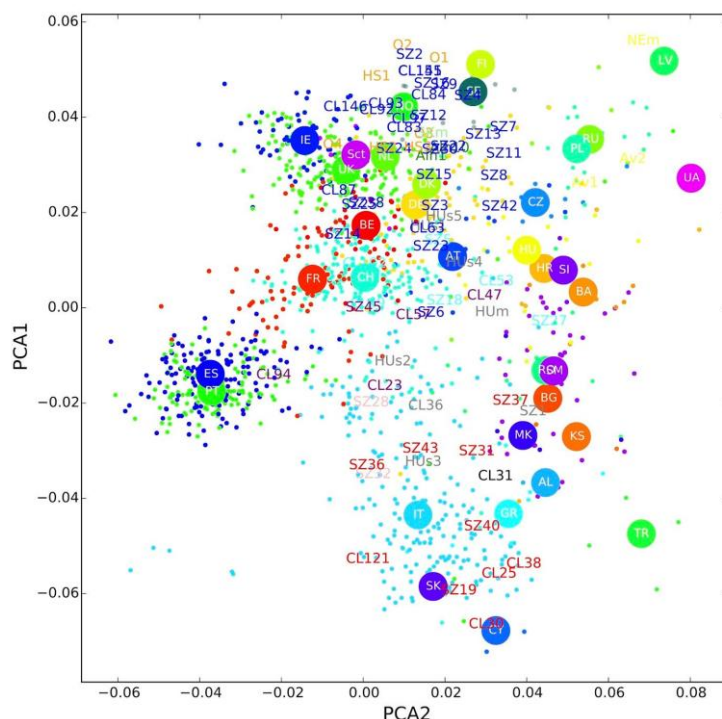
I2-M438 > L460 > M436 > M223 > CTS9183,

а балканские (в основном славянские) снипы, нижестоящие от Y3120, образовались в конце прошлой эры, примерно 2200 лет назад. Согласно приведенным снипам лангобардов, балканские снипы к лангобардам отношения не имеют. У них совсем другая цепочка:

I2-M438 > L460 > P37 > M423 > Y3104 > L621 > CTS10936 > S19848 > CTS4002 > CTS10228 > Y3120 > (Z17855, Y18331, Y4460, S17250).

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





Надо сказать, что на эту диаграмму авторы статьи внимания тоже не обратили. Увидели, что из нее ничего (для них, авторов) не получится, написали, что образцы ДНК из захоронений – «европейские», на этом дело и закончилось. Даже не обратили внимания, что единственный образец гаплогруппы R1a (SZ15) имеет «скандинавский» субклад S200 (= Z284), более того, сидит на кружке с надписью DK (Дания), а в тексте написали, что нашли «восточно-европейский R1a». Видимо, по привычке, или по обычной неряшливости популяризаторов. А ведь это – фактически единственное указание на Скандинавию, откуда по представлениям современных историков вышли лангобарды. А ведь авторы статьи ставили своей целью изучить миграции лангобардов по данным ДНК.

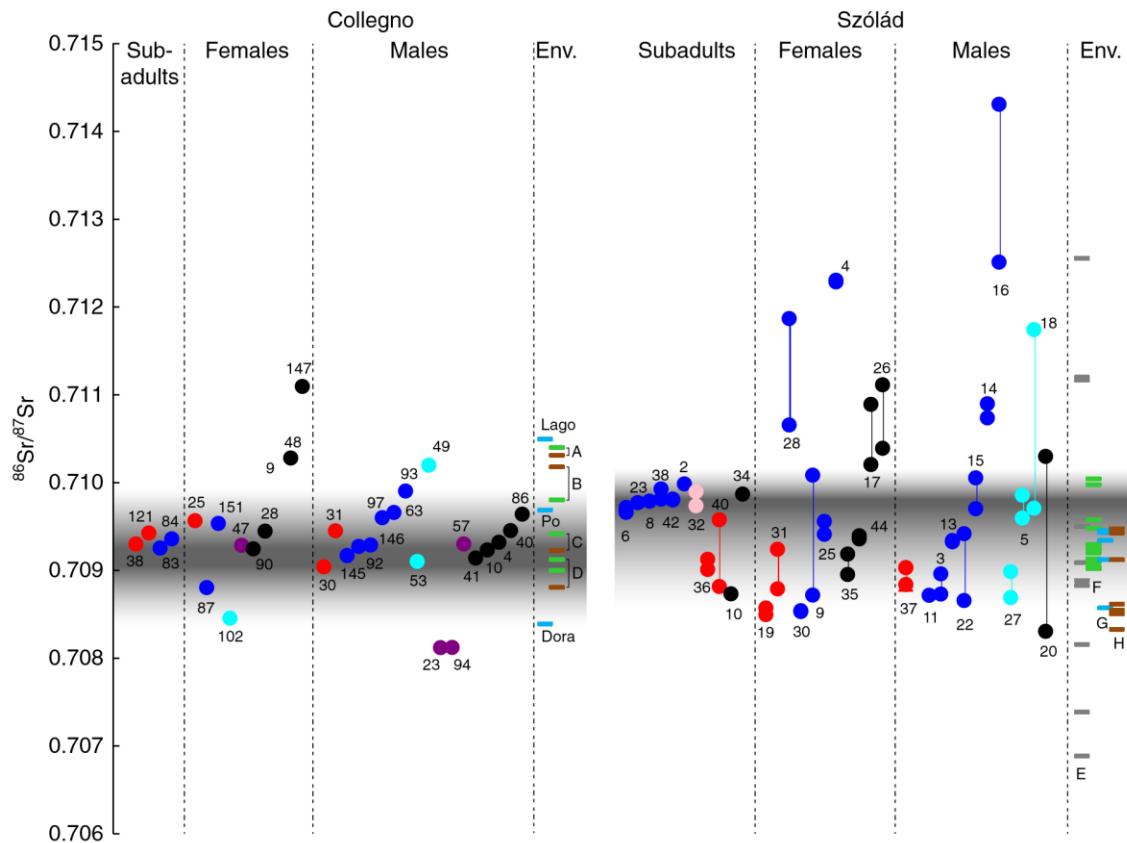
### Стронциевый анализ

Отдельный раздел авторы обсуждаемой статьи посвятили стронциевому анализу образцов в захоронениях – в Паннонии и Северной Италии. Это – интересный и относительно новый подход, который основывается на определении отношения изотопов стронция  $Sr^{87}/Sr^{86}$ , обычно в зубной эмали ископаемых скелетных остатков. Дело в том, что отношение указанных изотопов в эмали зубов характерно для региона, в котором рос – до подросткового или молодого возраста – обладатель тех зубов. Это соотношение определяется почвой того региона, значит – продуктами питания, собранными или полученными из той почвы, которая в свою очередь покоится на каменных отложениях в том регионе, что и определяет соотношение изотопов. При выходе из молодого возраста рост зубов замедляется, соотношение изотопов стронция стабилизируется и больше не меняется в течение всей жизни, и является показателем для конкретного региона. Все, кто выросли в данном регионе, имеют практически одинаковое соотношение  $Sr^{87}/Sr^{86}$ , которое определяется с весьма высокой точностью масс-спектрометрическими методами, и «чужак», который прибыл в данный регион уже после подросткового возраста, легко выявляется такими методами. Более того, можно даже предположить, из какого региона прибыл «чужак», если это соотношение изотопов стронция характерно для того региона. Такие находки редки, поскольку, хотя соотношение  $Sr^{87}/Sr^{86}$

обычно измеряют с точностью до четвертого-пятого знака после запятой, например, 0.7165, или 0.7263, эти величины относительно мало изменяются по европейским регионам, и часто перекрываются. Например, в Швеции (в частности, в восточной части центральной Швеции) это указанное соотношение варьируется от 0.7166 до 0.7262, а в Чехии - от 0.7062 до 0.7153 и от 0.7082 до 0.7147 (на разных территориях), то есть практически смыкается с тем, что найдено на востоке центральной Швеции, в Дании от 0.70844 до 0.71069, то есть пересекается с тем, что в Чехии. Костные останки в захоронении бронзового века в Дании имеют это соотношение, равное в среднем 0.710241, то есть опять, как в современной Чехии. В Германии это соотношение (по далеко не полным данным) варьируется от 0.7089 до 0.7108, то есть перекрывается и с Данией, и с Чехией. В Южной Скандинавии – от 0.7090 до 0.7108, определено по нескольким точкам.

Этого, что описано в предыдущем абзаце, в обсуждаемой статье, конечно, нет – ни описания, ни приведенных чисел. Наверное, потому, что авторы, говоря о миграциях, и не замахивались на такие определения с помощью стронциевого анализа. Как и путем анализа ДНК. Задачу поставили, но не выполнили, потому что методология оказалась слаба.

Так что же они получили с помощью изучения отношения  $Sr^{87}/Sr^{86}$ ? Да, в общем, тоже ничего не получили. Диаграмма из основной статьи приведена ниже. Мы видим, что авторы статьи ошиблись даже в обозначении изотопного отношения, привели на вертикальной оси обратное отношение. Занятно – 24 автора, и никто не заметил.



Данные стронциевого анализа в образцах с северо-итальянского кладбища (Collegno, слева) и венгерского (Szolad, справа). Справа каждой половины диаграммы приведены «референсные» значения изотопного отношения из растений, земли, глины, гальки, воды (из озера Балатон).

Темная зона – весьма условно проведенная «медиана». То, что она разная для двух кладбищ, это нормально, она же должна отражать изотопное отношение Sr87/Sr86 в каждом данном регионе. Хуже то, что «референсные» значения данного отношения варьируют в столь широких пределах (справа на каждой диаграмме), что делают любые отнесения довольно бессмысленными. При интерпретации данных нужно же отталкиваться от «референсных» значений, свойственных данному региону. Поэтому неясно – выпадающие точки – это «чужаки», или разброс экспериментальных данных, отражающий погрешность измерений. Если «чужаки» - то это или лангобарды, прибывшие с разных территорий, или примкнувшие к ним люди (не лангобарды) другого территориального происхождения. И не только территориального – на итальянском кладбище выпадает образец под номером 23 – это гаплогруппа T1a2b-L446, она в итальянской выборке всего одна. Поэтому, возможно, это вовсе не прибывший лангобард, а пришелец из другого региона. В выборке из Паннонии носитель гаплогруппы T1a тоже один, под номером 36, но он не родственник первого по мужской линии, у него другой субклад, T1a1a-PF5620. Он вроде как не выпадает, но там разброс изотопных отношений настолько велик, что трудно сказать, что выпадает и что нет. Явно выпадает образец под номером 18, это гаплогруппа E1b-CTS2817. Опять, видимо, пришелец в данный регион. Он тоже один в выборке из Паннонии с таким гаплотипом. В итальянской выборке тоже только один E1b, под номером 38, но он не выпадает, находится в аккурат на медиане, но не родственник тому, что в Паннонии, итальянский имеет субклад E1b-PF2211. Он, видимо, местный житель, но попал на кладбище с лангобардами.

Можно попытаться сделать скоропалительное предположение, что «настоящие» лангобарды – это те, кто имеют гаплогруппы R1b на кладбище в Паннонии, и R1b и I2a – на кладбище в северной Италии. И среди них именно те, кто не выпадают из «медианы», поскольку родились и выросли, соответственно, в Паннонии и в северной Италии. Но и так складывается плохо, потому что в Паннонии выпадают, например, образцы 16 (R1b-Z381), 14 (I2a-CTS9183) и 22 (I2a-ZS20), а некоторые образцы на диаграмму не нанесены. В итальянской серии выпадают образцы 49 (R1b-Z367) и 94 (R1b-S11987), они либо лангобарды, которые не выросли в данном регионе, либо просто пришельцы, не имеющие к лангобардам особого отношения. Образец 4 в Паннонии с гаплогруппой R1b нанесен на диаграмму как «женщина», что, конечно, занятно. Но в любом случае, несмотря на неряшливость в представлении данных, эта диаграмма о миграции ничего не говорит, в том числе и миграции откуда, из какого региона. Поэтому в основной статье всё изложение и обсуждение изотопного анализа занимает всего два абзаца, которые начинаются с того, что исследование проведено *«для того, чтобы лучше понять миграции в эти два участка»*. И после этого авторы пишут, как вывод, что *«взрослые субъекты в захоронении в Паннонии с преобладающей центральной/северной и южной европейской предковостью показывают не местную «подпись» по данным изотопного анализа»*, и *«это позволяет предположить, что субъекты с обоими типами предковости мигрировали в Паннонию вместе, несмотря на их различия в материальной культуре»*, и далее, что *«мы также заметили большое разнообразие среди не местных субъектов с центральной/северной предковостью, что позволяет предположить, что не все субъекты произошли из одного региона, прежде чем осели в Паннонии»*.

*«Напротив – продолжают авторы – в итальянском захоронении пять субъектов с преобладающей южной предковостью являются местными по данным изотопного анализа»*. Вот и гадайте, зачем всё это авторы пишут, и какое это имеет отношение к картине миграций или к «социальной организации» лангобардов, не говоря о том, что из их данных это совершенно не следует. Заканчивается этот раздел так: *«Похоже, это согласуется с моделью, что индивидуалы с центральной/северной европейской предковостью мигрировали и осели в*

*северной Италии среди группы местных индивидуалов, преимущественно итальянского происхождения». Понятно, почему в этом разделе слово «лангобарды» уже не употребляется, вычленив их авторы уже потеряли надежду. Кто-то то ли пришел, то ли уже жил там, то ли осел среди местных жителей. Кто из них лангобарды, понятно, концов уже не найти. Такой вот геномный анализ вкупе с изотопным.*

В заключение этого раздела можно отметить, что «медиана» для соотношения  $Sr^{87}/Sr^{86}$  образцов с итальянского (Collegno) кладбища равна  $0.70927 \pm 0.00002$ . Напомним, что приведенные выше (в качестве примеров) величины этого соотношения по опубликованным ранее данным равны:

- в Швеции (в частности, в восточной части центральной Швеции) от 0.7166 до 0.7262
- в Чехии - от 0.7062 до 0.7153 и от 0.7082 до 0.7147 (на разных территориях)
- в Дании от 0.70844 до 0.71069
- в Дании (захоронение бронзового века) в среднем 0.710241
- в Германии (по далеко не полным данным) варьируется от 0.7089 до 0.7108
- в Южной Скандинавии – от 0.7090 до 0.7108, определено по нескольким точкам.

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

### **«Генетическая структура» образцов ДНК лангобардов (методология «адмиксчер»)**

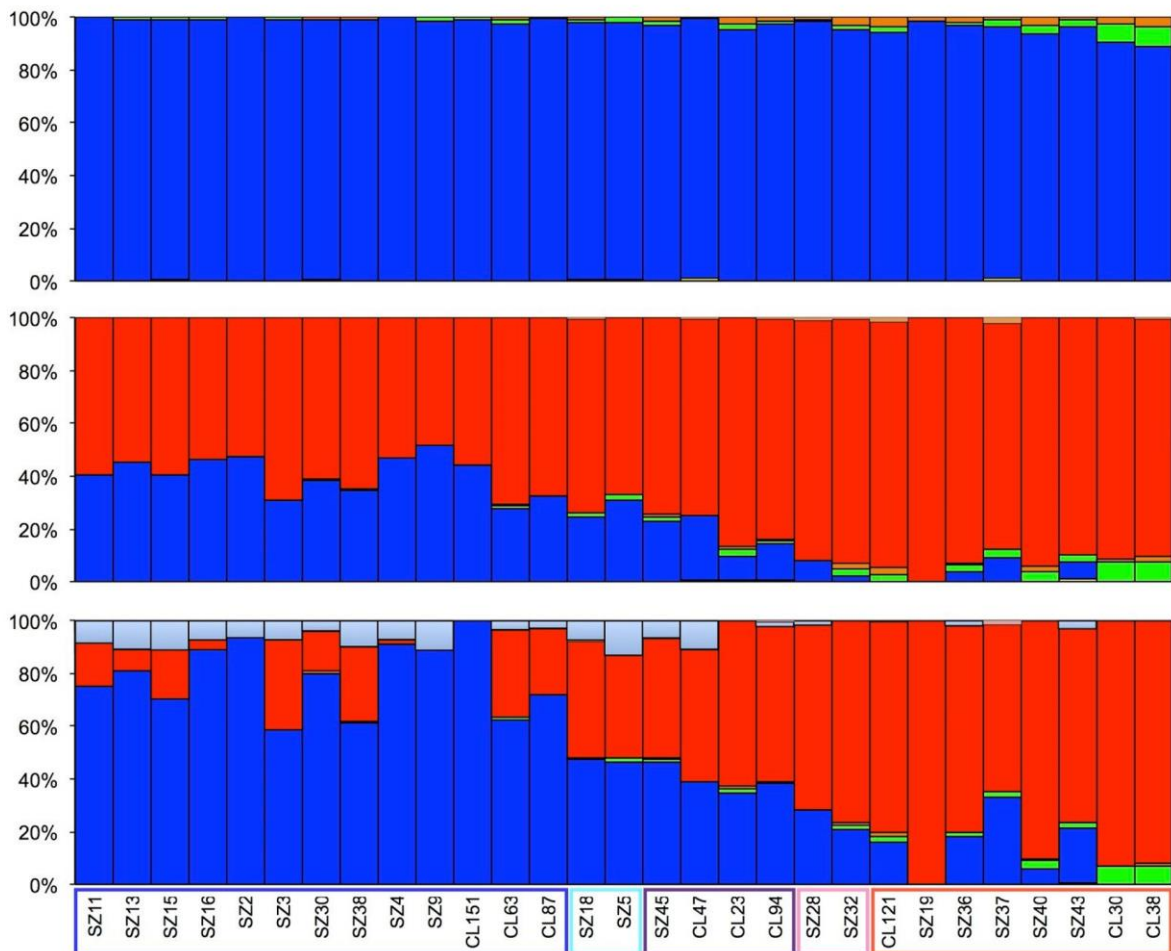
Показательным примером стиля работы и достижений геномных популяристов является их методология «адмиксчер», то есть «примесности». Автор этих строк многократно приводил примеры в статьях на Переформате (<http://pereformat.ru/klyosov/>) и в книгах, насколько изощренно-путаная эта «методология», к каким совершенно пустым выводам она приводит. Это – типичный пример формализованных компьютерных упражнений, когда за основу выбирается нечто сложное и неоднозначное, плохо понятое и плохо осмысленное, и далее используется как набор «компонентов» для разложения на части других сложных и неоднозначных систем, тоже плохо понятых и плохо осмысленных. Поскольку компьютеру всё равно, он в любом случае команду выполнит и разложит систему на «компоненты», которые сами по себе и являются выводом «исследования». Большого смысла, как правило, в этом нет, да и воспроизводимость такой «методологии» авторы, естественно, не обсуждают. Как получилось, так и получилось.

Давайте посмотрим, как с помощью такой «методологии» изучали ДНК древних лангобардов, и какие выводы из этого сделали. Это в рассматриваемой статье называли «генетической структурой» образцов ДНК.

Итак, исследование первое. В нем образцы ДНК «лангобардов» (приходится брать в кавычки, поскольку из предыдущего раздела следует, что образцы были весьма разнородны по происхождению, и кто из них на самом деле «лангобард», а кто нет – выявить с

определенностью не удастся) сопоставлялись с **современными** геномными базами данных, для того, чтобы понять, на кого они больше «похожи» по картине снипов. Здесь надо понимать, что геномные базы данных по странам и регионам представляют собой усредненные показатели, в которых перемешаны ДНК мужчин и женщин, ДНК представителей разных гаплогрупп, и вообще всех, кто попал в выборку по данной стране или региону, независимо от семейной древней истории и происхождения. Вот такая каша усредняется и служит «референсной» для сопоставления с ДНК конкретного «субъекта», независимо, мужчина это или женщина какая у него Y-хромосомная гаплогруппа или у нее мтДНК, и из каких краев, далеких или близких, пришли его или ее предки в данный «референсный» регион или страну на современной политической карте мира. При этом усредненные значения ДНК - на самом деле не ДНК как таковой, а ДНК, изрубленной в капусту, как и ДНК в «референсной» базе данных, причем компьютер статистически сравнивает «сходства» - и «по происхождению», и «по случайности», и «непременные сходства», отражающие сходную анатомию и физиологию, как было описано выше.

Понятно, что компьютер что-то построит в виде диаграмм и разобьет на компоненты, ему деваться некуда, он железный. Говоря математическим языком, вероятность того, что он что-то построит, равна единице. Компьютер не скажет, что что-то здесь не складывается, и что он профанацией не занимается. И потому – давайте взглянем на то, что получилось с «лангобардами».



*«Генетическая структура» образцов ДНК предполагаемых лангобардов из захоронений в Паннонии (префиксы SZ) и Северной Италии (префиксы CL). Набор снупов в каждом образце (от сотен тысяч до миллиона снупов) компьютер «раскладывал» на произвольно заданное исследователями число компонент, которое по смыслу означало предполагаемое число предков для каждого образца. Верхняя панель – закладывалось число компонент, равное 4 ( $K=4$ ), средняя панель – равное 6, нижняя панель – равное 8. Синий цвет – это усредненные современные геномы из Англии и американцев из штата Юта, которые приняты за центральных европейцев; красный цвет – современные жители итальянской Тосканы; серый цвет – современные финны; ярко-зеленый – современные жители южной Азии; темно-зеленый цвет – современные иберийцы (жители Пиренейского полуострова), коричневый цвет – Йоруба, негроидные народы Западной Африки.*

Диаграмма выше – «компонентный анализ» по сходству геномов «лангобардов» с геномами референсных баз данных по странам и регионам. Методология популяционных генетиков требует предварительного «навязывания» компьютеру, сколько предковых компонент заложить в расчеты. Это число компонент – совершенно произвольная величина, сколько заложим, то и получим. Независимой проверки нет в принципе. А картинки каждый раз получаются разные. В данном случае в качестве «компонентов» привлекались «референсные» наборы картин снупов из 4 до 8 стран и регионов. Все 8 компонент – это Англия и американцы из штата Юта в США, взятые вместе (синий цвет); итальянская Тоскана (красный цвет); Финляндия (серый цвет); Иберия (Пиренейский полуостров, темно-зеленый цвет); Южная Азия (ярко-зеленый цвет); Восточная Азия (желтый цвет); африканские Йоруба – коричневый цвет. Почему Англию смешали с американцами из Юты – а так решили авторы статьи. По их сообщению, не разделяются.

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

Ну ладно, если «лангобарды» из Паннонии и Италии сплошь предки современных англичан (что, конечно, было бы странно, зная, что они заселили почти всю Италию, см. карту выше), то так тому и быть, так говорит геномный анализ. Наука на марше. Но при 6 «предковостях» (то есть 6-компонентном разложении данных) диаграмма оказывается уже совсем другой, как показывает средняя панель. Теперь мы видим, что потомки «лангобардов» - на три четверти итальянские тосканцы (красный цвет), и на четверть – американцы из штата Юта и англичане. Сюрприз. Что радует – два итальянских образца (30 и 38), упомянутые выше, упрямо показывают около 10% «южноазиатской предковости», и опять гаплогруппы E1b и R1b не разделяются, но теперь они уже не предки англичан, а предки итальянцев. Можно пофантазировать, что их матери были китайками или вьетнамками, но тогда это в который раз ставит вопрос о смысле такого «анализа». Как и то, что в этой панели три первые колонки (SZ11, SZ13 и SZ15) – это носители гаплогрупп R1b, I2a и R1a, соответственно, и все три практически идентичны по «генетической структуре». Ах, да, это же не только мужчины, это геномы, усредненные для мужчин и женщин... Да еще там и «сходство по случайности»,

«сходство по обязательности сходства», и то, что ДНК с миллионом снипов порубили в капусту, а там рыбу заворачивали... ©. И это действительно стоит того, чтобы это анализировали с целью изучения миграций? Вы это серьезно?

Хорошо, еще одно «разложение» тех же данных по компонентам, теперь все 8 «предковостей», с дополнительным привлечением Финляндии, нижняя панель. Финляндия, конечно, тут же вклинилась в результаты, хоть и не намного, но заметно, причем в ДНК и из Паннонии, и из Италии. Тоже сюрприз. Два последних образца из Италии на диаграмме (CL30 и CL38) так и не изменяют своей южноазиатской «компоненте», не разделяют их гаплогруппы (E1b и R1b) и 8-компонентный анализ. Англичан с американцами теперь в них стало примерно половина, как и итальянских тосканцев, одна незадача – это и для Паннонии, и для Италии. И опять три первых образца слева (R1b, I2a и R1a) не разделяются, к тому же в них в равной степени вклинились финны, пусть и ненамного.

Оставим эту «науку на марше» для оценки читателю, что там это дает для «лучшего понимания лангобардов», как ставилось целью данного исследования. Понятно, что когда в статье с приложениями более 200 страниц и более 100 графиков, то что-то из этого можно вытащить. Например, пояснения, почему могилы расположены так, что кто-то в центре, а остальные вокруг, или кто на кладбище близкие родственники друг другу, но мы-то о другом, о «понимании миграций с помощью палеогеномики», как заявлено в названии статьи. У меня нет сомнений, что следующая статья о «геномном анализе» провозгласит, что предыдущая статья явилась крупным успехом в понимании, кто такие были лангобарды и какие у них были миграции, и что статья значительно продвинула науку вперед. Это – обычный стиль популяризаторов, а в последнее время стал обычным стилем и «геномных» популяризаторов. Лженаука? Да нет, лженауки не бывает в принципе. Просто современный стиль «подачи». То ли коммерческая наука, то ли научная коммерция, то ли такой способ получения грантов. Ясно, что статью в 200 страниц и 100 графиков читать никто не будет, тем более статью с тем вязким стилем, что предлагается читать, при практически полном отсутствии результатов и выводов в Абстракте и в Заключение. Такая теперь у них «наука».

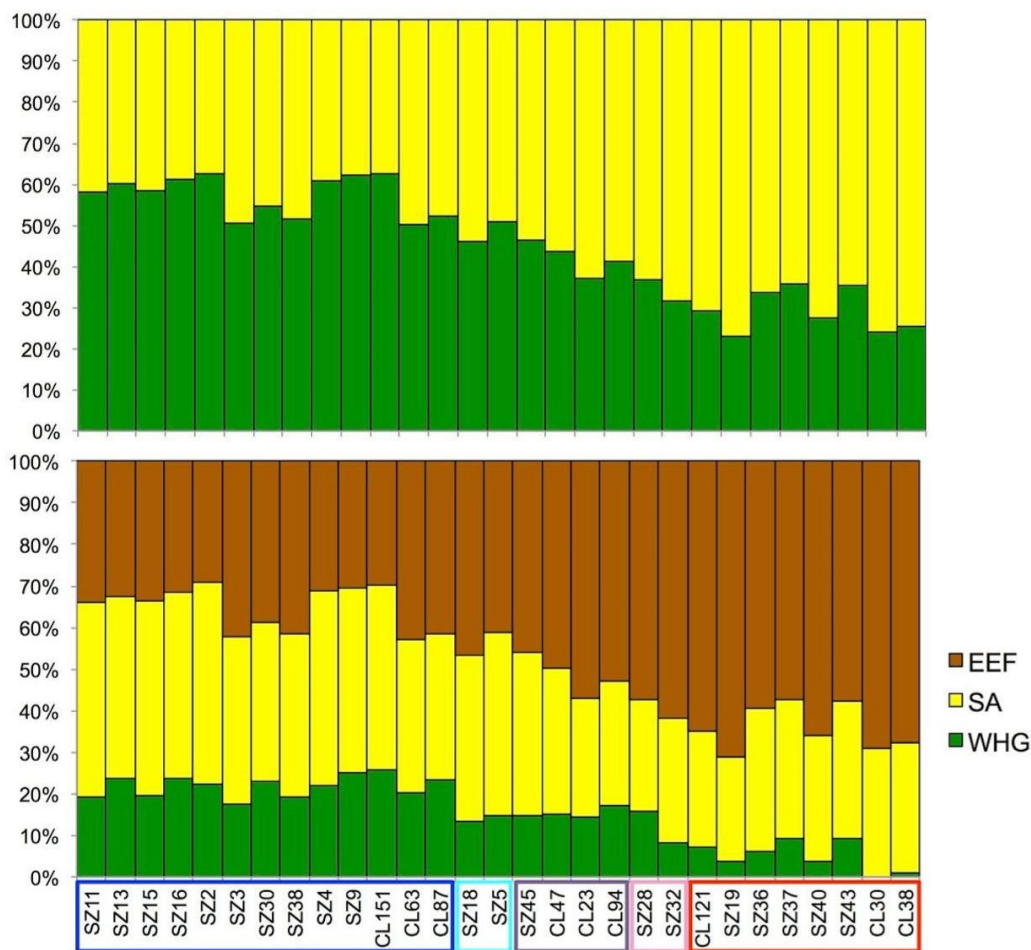
Ну, и в качестве «вишенки на торте» - последняя серия данных и их подачи, которые стали уже «классикой жанра» геномной популяризации. В свое время в популяризацию были введены понятия «древних охотников-собирателей» и «древних фермеров», позаимствованные у археологов. У последних это были условные описания древних людей, которые сводились к тому, что «древние охотники-собиратели» - это те, которые жили ранее 7000 лет назад, а «древние фермеры» - те, которые жили после того, то есть позже 7000 лет назад. Популяризаторы перевели эти понятия на свои рельсы, и довели их до абсурда. На этом пути они взяли ряд древних ДНК, опять усреднили поперек гаплогрупп, а также древних мужчин и женщин, и придали полученным квази-фантомным результатам вид «количественных характеристик» и «критериев». Понятно, что популяризаторы не могли пройти в этом отношении мимо «лангобардов». Посмотрим, что у них получилось.

Ниже – диаграмма ДНК «лангобардов» при «предковости», то есть числе компонентов при разложении картины снипов, равной 2 (верхняя панель) и 3 (нижняя панель). Здесь зеленый цвет – «европейские древние охотники-собиратели», коричневый – «неолитические фермеры Анатолии», желтый цвет – «компонент» ямной культуры (Русская равнина, 5600-4300 лет назад). Прежде чем задать разумный вопрос – зачем это авторам статьи было нужно, в чем состояла загадка исторических наук в этом отношении, и как авторы ее решили и чем



продвинули науку, да и вообще что ожидали - посмотрим на диаграммы. Это – типичное «мы собирали грибы». На вопрос – «а что именно собрали, и сколько» - ответа нет.

Итак, при двухкомпонентном разложении ДНК «лангобардов» чуть меньше половины их оказываются потомками «европейских охотников-собирателей», и остальные, чуть больше половины – потомками насельников ямной культуры. Первое – откровенная банальность, кем же еще они были при уходе на 7 тысяч и более лет назад? Тем более что усредняют с ДНК женщин. Это примерно эквивалентно тому, что они были «потомками древних людей». Новость в науке.



«Генетическая структура» образцов ДНК предполагаемых лангобардов из захоронений в Паннонии (префиксы SZ) и Северной Италии (префиксы CL). Набор снипов в каждом образце (от сотен тысяч до миллиона снипов) компьютер «раскладывал» на произвольно заданное исследователями число компонент, в данном случае 2 и 3, которое по смыслу означало предполагаемое число предков для каждого образца. EEF – коричневый цвет, «неолитические фермеры Анатолии»; SA, желтый цвет – «компонент» ямной культуры (Русская равнина, 5600-4300 лет назад), WHG, зеленый цвет – «европейские древние охотники-собиратели».

Но здесь дело хуже – почти все «лангобарды» Северной Италии и половина «лангобардов» Паннонии – носители гаплогруппы R1b с европейскими субкладами (о них – ниже), которые появились в Европе примерно 4800-4500 лет назад. Под «европейских охотников собирателей» 7000 и ранее лет назад они никак не подходят. Это разве что другая половина «лангобардов» из

Паннонии, с гаплогруппой I2a, то есть четверть от всех «лангобардов». Правда, непонятно, какую информацию эта связь с «древними людьми» дает? Какую историческую загадку решает? Опять – «мы собирали грибы»?

Второе, что предками другой половины «лангобардов» были якобы ямники – серьезная ошибка. Потомком ямников там может быть только один человек, с гаплогруппой R1b-Z2103, найденный в захоронении в северной Италии (CL121), но это один из 29 образцов, показанных на диаграмме. Остальные – или носители гаплогруппы I2a, которая не обнаружена в ямной культуре, там практически только R1b-Z2103, или носители других ветвей гаплогруппы R1b, к ямной культуре не имеющих отношения. Эти ветви не пересекаются с Z2103. Видимо, желтый цвет на диаграмме как-то вызван гаплогруппой R1b, которой много в Европе, она там фактически доминирует среди других гаплогрупп. Вот и оказались «ямники». Это – типичная ошибка «геномных популяционистов», которые неизменно направляют ямников в Европу напрямую с Русской равнины, не понимая (и не зная, видимо), что у ямников и европейцев (современных и древних) преимущественно разные субклады. Эта же ошибка здесь и проявилась. Возможно и другое – диаграмму изменили женщины, ДНК которых была сходна и в Европе, и в ямной культуре. Вот они и перевесили в сторону «ямников». Но гадать подобным образом можно до бесконечности, это и есть «бесконечное количество степеней свободы», о чем упоминалось выше.

Переходим к нижней панели, продукту разложения ДНК «лангобардов» на три «предковости», с добавлением «неолитических фермеров Анатолии» (коричневый цвет). Как видим, произошла метаморфоза – они, эти «анатолийские фермеры», стали доминирующими в «генетической структуре лангобардов», на втором месте – «ямники», но с ними мы уже разобрались, это фикция, на третьем, в относительно малой доле – «европейские охотники-собиратели». Кто же там по гаплогруппам «анатолийские фермеры»? Да нет таких. Мог бы быть носитель гаплогруппы G2a (CL31) - но он не нанесен на диаграмму, отбросили его. Может, носители гаплогруппы I1 (CL63 и CZ45), но они ничем от других по своей «генетической структуре» не отличаются, хотя гаплогруппа другая. Может, два носителя гаплогруппы T1a, которую обычно приписывают по их истории Ближнему Востоку (CL23 и SZ36)? Но они тоже от других ничем не отличаются.

В итоге так и осталось неясным, что намеревались получить авторы статьи, занимаясь поиском «древних охотников-собирателей» и «древних фермеров» в подноготной «лангобардов»? Что они хотели увидеть? Что дало преобладание «анатолийских фермеров» в «генетической структуре» «лангобардов»? Ясно же, что это совершенно искусственные, надуманные упражнения. И это дополнительно иллюстрирует полный промах с «генетической структурой» ямников в «лангобардах». Может, жены ямников стройными рядами ушли из волжских степей в центральную Европу, оставив мужей с их гаплогруппой R1b-Z2103 в тех степях, и эти самые жены оставили через 5 тысяч лет мощный вклад в геноме будущих лангобардов? Но наука такими предположениями не делается. И если это в самом деле так и было (допустим на минуту), то что это нам дает для «понимания лангобардов», как авторы формулировали задачу в начале статьи? Вот такая у них наука. Геномная популяционистика...

### **А что осталось для ДНК-генеалогии?**

Да, в общем-то, немного. Авторы ведь не определили гаплотипы в образцах ДНК «лангобардов» из Паннонии и Северной Италии, что полностью бы развернуло статью в правильную и продуктивную сторону. Родство между «лангобардами» стало бы намного более ясным,

прояснился бы маршрут миграции, его исходный регион. Но – гаплотипы не определили, чем лишили себя богатого материала. Зато определили гаплогруппы и сніпы/субклады, скажет оптимист. К сожалению, не совсем. Определили небрежно, спустя рукава. Может, потому, что работали с малой степенью покрытия, по оценкам автора равной всего единице на образец. Почти везде недотипировали, то есть определили только совсем древние сніпы, которые ко временам лангобардов почти неприменимы, с ними разве что можно установить «родство» на уровне многих тысяч лет назад.

Давайте в этом убедимся сами. Основная гаплогруппа у образцов из Северной Италии была R1b, субклады, которые определили авторы статьи, были L151 [в четырех образцах], Z381, S116 (= P312), Z367, S11987, Z2103, PF6434 (=M269) [в двух образцах], L52. Где не указано, субклады были единичными. На первый взгляд, это уже означает, что большинство образцов – не родственны друг другу. Но это только на первый взгляд. Если представить эти субклады в виде ДНК-генеалогической цепочки, то она выглядит так (в несколько сокращенном виде). Желтым цветом выделены обнаруженные субклады.

R1b-M269 > L23 > Z2103  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 (= L11) > P312 > S11987 (=DF99)  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 (= L11) > P312 > U152 > L2 > Z367  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 (= L11) > U106 > Z381

Поскольку образцы определенно недотипированы, то, например, носители субклада M269 могли быть близкими родственниками, вплоть до отца или сына, любому носителю приведенных здесь субкладов. Сам M269 образовался 100 сніпов назад (по данным коллектива YFull), то есть 14400 лет назад (в среднем сніпы в «референсном» фрагменте Y-хромосомы образуются раз в 144 года). С тех пор у носителей M269 возникло более тысячи нижестоящих сніпов, и любой в принципе мог быть у этих двух «лангобардов», в том числе и перечисленные в четырех строках выше. Но недотипирование не дало возможности сделать осмысленный анализ миграций «лангобардов».

С другой стороны, Z2103 уже ушел в другую ветвь гаплогруппы R1b, он не пересекается ни с одним из перечисленных выше сніпов «лангобардов», и, следовательно, для них не характерен. Это – фактически случайный субъект, хотя на диаграммах «генетической структуры» он – прочий среди многих равных. Или нестыковка, или такой «геномный анализ» по сути ничего не дает. «Собирали грибы». Видимо, это местный, происхождения или из древних Апеннин, или с древних Балкан, а то и с Кавказа или из Малой Азии. Явно не мигрант с севера Европы.

Последний во второй цепочке – субклад S11987, из серии субкладов археологической культуры колоколовидных кубков (4800-3900 лет назад). Сам субклад образовался 28 сніп-мутаций, то есть 4000 лет назад, за 2500 лет до лангобардов, и в отношении миграций последних практически ничего не дает. У него в классификации описаны 14 нижестоящих субкладов, вплоть до 1900 лет назад, но их авторы статьи не определяли, у них задачи были другие. «Грибы собирать».

В третьей строке последний в цепочке субклад, Z367, образовался те же 28 сніп-мутаций, или примерно 4000 лет назад.

Как видно, авторы статьи либо не придали значения определению сніпов, относящихся к временам лангобардов или их непосредственных предков, либо просто не смогли это сделать. Итог – для выявления миграций это грубый уровень сніпов практически бесполезен.

В четвертой строке последний в цепочке субклад, Z381, образовался 33 сніпа, то есть примерно 4750 лет назад. Опять намного раньше времен лангобардов.

С остальными сніпами в захоронениях «лангобардов» ситуация такая же – единственный образец гаплогруппы E1b на кладбище в Северной Италии имеет сніп PF2211 (= V13), который образовался 58 сніпов, то есть примерно 8400 лет назад. Это столь древняя датировка, что к лангобардам ее фактически не применить. Единственный образец гаплогруппы G2a имеет сніп Z6644 (=Z6653), образовался 72 сніпа, то есть примерно 10400 лет назад. Понятно, что в данном контексте эта датировка не слишком информативна. То же и с гаплогруппой I1a3 из ветви Z63 (=DF29), которая зародилась 31 сніп назад, то есть примерно 4500 лет назад. То же и с гаплогруппой T1a-L446, которая появилась 83 сніпа назад, то есть примерно 12000 лет назад. Какие там лангобарды...

В захоронениях «лангобардов» в Паннонии ситуация такая же – хроническое недотипирование субкладов образцов. Но ДНК-линии там в основном другие, нежели в Северной Италии. В Паннонии треть образцов с гаплогруппой R1b происходят от сніпа U106, типичного германского, который был найден в северо-итальянском захоронении «лангобардов» только в одном случае. Субклады гаплогруппы R1b в виде ДНК-генеалогической цепочки в захоронении в Паннонии следующие (в несколько сокращенном виде):

R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 (= L11) > U106 > Z381 [2 образца]  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 (= L11) > U106 > Z16  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > U152 > CTS1595  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > L21 > Z351 (=Z8)  
R1b-M269 > L23 > L51 > L52 > L151 > P312 > L21 > L130

Здесь уже ссылкой на недотипирование не обойтись. Понятно, что это все древние субклады (сверху вниз по желтым отметкам – субклады образовались 33, 26, 35, 27, 26 и 24 сніпов назад, то есть 4750, 3700, 5000, 3900, 3700 и 3500 лет назад, соответственно), намного ранее времен лангобардов, но картина в целом ясна – это все разные ветви ДНК-генеалогии, и те «лангобарды» в захоронениях друг с другом генеалогически никак не связаны. Либо обнаруженные в захоронениях «лангобарды» представляют «сборную солянку», разрозненные линии, то есть не относятся к одному племени, и даже к двум-трем племенам, либо это люди, попавшие на одно кладбище довольно случайно.

С носителями гаплогруппы I2a в Паннонии картина несколько лучше. Восемь мужчин на одном кладбище, носителей этой гаплогруппы, представляют следующие две ДНК-линии:

I2a-M223 > S390 (=L801) > ZS20 (=S8112)  
I2a-M223 > CTS9183 (=CTS616) > S391 (=L812)

Правда, у трех образцов идентифицированные сніпы обрываются на CTS9183 (образовался 67 сніпов, то есть 9600 лет назад), у одного – на нижестоящем S391 (образовался 22 сніпа, то есть 3200 лет назад), у одного – на S390 (образовался 67 сніпов, то есть 9600 лет назад), и у трех

образцов снипы обрываются на нижестоящем ZS20 (образовался 31 снип, то есть примерно 4460 лет назад). Все эти датировки намного древнее племени лангобардов, нижестоящие снипы не определяли.

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

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

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

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