

## РЕЦЕНЗИИ

УДК 930.23+575.174

### РЕЦЕНЗИЯ НА МОНОГРАФИЮ Б.А. МУРАТОВА «ЭТНОГЕНЕЗ БАШКИР: ИСТОРИОГРАФИЯ И СОВРЕМЕННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ»

**Ж.М. Сабитов**

*(Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева)*

В данной рецензии рассматриваются ошибки в книге Муратова Б.А. «Этногенез башкир: историография и современные исследования», которые можно подразделить на четыре основных вида.

1. Фактологические ошибки. Автор книги зачастую допускает фактологические ошибки, выдумывая некоторые факты или идеи, которые он приписывает определенным авторам.

2. Методологические ошибки. Неправильное использование методов популяционной генетики привело автора этой монографии к неправильным выводам. Такие методы, как многомерное шкалирование, расчет генетических расстояний, AMOVA, Кластерный анализ и т.д., автором не использовались вообще. Такие методы, как построение филогенетических сетей и выделение на основе сетей кластеров близких гаплотипов, использовались методологически не верно. Выделение модальных гаплотипов (гаплотипа основателя) не было произведено. Подсчет TMRCA (время жизни первого общего предка) на основе генеалогических и эволюционных скоростей мутаций было произведено с большим количеством ошибок. Одной из главных ошибок явилась маленькая выборка для исследования башкирских кланов (n=45). Эта выборка мала и малорепрезентативна. Вытекающие из такой малой выборки выводы слабо аргументированы.

3. Исторические фантазии. К примеру, Муратов Б.А. совсем необоснованно выдвигает гипотезу о генетической связи башкирского племени Бурзян и монгольского племени Кият-борджигин. Также он выдвинул необоснованные гипотезы о генетической связи башкирского племени бурзян с курдами, осетинами-дигорцами, берендеями. При этом никаких генетических доказательств (принадлежность к общему терминальному SNP-маркеру) Муратов Б.А., естественно, не привел.

4. Грамматические ошибки. Главный тезис книги Муратова Б.А. звучит как: Башкиры это (некие) «туранцы». Основной ошибкой здесь является отождествление SNP-маркера Z2123 с этнорелигиозной категорией «Туран». Данное отождествление методологически не верно, так как социальные конструкты и генетические маркеры имеют разную природу возникновения, функционирования и развития. Таким образом, смешение генетиче-

ских и этнорелигиозных маркеров при реконструкции истории методологически не верно.

**Ключевые слова:** Муратов Б.А., полиморфизм Y-хромосомы, этногенез, башкиры, методы популяционной генетики.

В 2013 году вышла работа Муратова Б.А. «Этногенез башкир: историография и современные исследования». Несмотря на свое «историческое» название, данный труд по большей части опирается на данные ДНК-тестирования представителей различных башкирских родов. Поэтому в нашей рецензии, мы рассмотрим как некорректное использование методов популяционной генетики, так и исторические аспекты указанной проблемы.

С 2000-х годов исследования популяционной генетики в целом и полиморфизма Y-хромосомы в частности заняли свое прочное место в научных исследованиях. С каждым годом поток новой информации в этих сферах только увеличивается. Полученные результаты зачастую уже сегодня используются в исторических реконструкциях. Но при всем при этом, помимо строго научных исследований в данной сфере появляется огромное количество псевдонаучных исследований, использующих новую терминологию популяционной генетики для построения псевдонаучных концепций. Еще со времен средних веков в науке сложилось правило, когда ученые не только являются исследователями и открывают что-либо новое в своих отраслях науки, но также ученые зачастую выступают в роли научных экспертов, давая обществу сигналы о компетентности или некомпетентности того или иного исследователя путем написания рецензий на научные труды. Это связано с тем, что лишь ограниченный круг лиц обладает квалификацией для того, чтобы увидеть все методологические натяжки и ошибки в научных трудах. Кроме того, выпуск таких псевдонаучных работ только дискредитирует новую прикладную историческую дисциплину, формируя у профессиональных историков, столкнувшихся с опусами Муратова Б.А., негативное отношение к популяционной генетике вообще.

Разбору методологических ошибок и натяжек в «монографии» Муратова Б.А. посвящена эта рецензия.

Монография Муратова Б.А. состоит из предисловия, введения, 7 глав, заключения, глоссария, интернет-библиографии, источников и литературы и «annotation».

Ниже мы рассмотрим ряд как фактологических, так и методологических ошибок.

В своей первой главе Муратов Б.А. рассматривает три теории происхождения башкир: угро-тюркскую, тюркскую и туранскую. Подводя итоги рассмотрения «угро-тюркской» теории, автор пишет:

«Угро-тюркская теория происхождения башкир не подтверждается данными ДНК-генеалогии. Так, согласно базе ИБГ УНЦ РАН угорский компонент башкир составляет 17 % и преимущественно встречается среди оренбургских и стерлибашевских башкир» [4, с. 25]. Здесь стоит отметить, что аргументация тезиса здесь абсолютно не научна. Во-первых, Муратов Б.А. дает ссылку на Лобова А.С., но не указывает страницы. Просмотрев всю диссертацию Лобова А.С., мы можем примерно понять, что имел в виду Муратов Б.А. Скорее всего, Муратов Б.А. приравнивает такие понятия, как гаплогруппа N1c1 и «угорский компонент», что является абсолютно не верным с точки зрения географии распространения этой гаплогруппы. Безусловно, один из множества субкладов (подгрупп) данной гаплогруппы имеет довольно высокую корреляцию с угорскими народами, но это только лишь один из многих субкладов этой гаплогруппы. Как мы можем увидеть, из текущей классификации субкладов «угорский субклад» маркируется мутацией L1034+, а именно этот SNP-маркер не проверялся у башкир, которых тестировал Лобов А.С. Кроме того, не стоит ставить знак равенства между гаплогруппой, которая передается по прямой мужской линии, и языком, который формируется окружающей средой и не передается генетически. Говоря о тюркской теории происхождения башкир, Муратов Б.А. опять нас отсылает к диссертации Лобова А.С., не указывая конкретной страницы, при указании того, что данные этногеномики (Лобова А.С.) подтверждают мысли А.З. Тогана и С.И. Руденко [4, с. 28]. Скорее всего, к.б.н. Лобов А.С. выступает тем «авторитетом», на которого ссылается Муратов Б.А. при отсутствии своих аргументов в свою пользу (при том, что Лобов А.С. сам не писал большую часть приписываемых ему мыслей). Поэтому почти всегда в ссылках на Лобова А.С. отсутствует страница. Либо, иногда, указанная страница вообще не содержит то утверждение, которое Муратов Б.А. приписывает Лобову А.С. К примеру, Муратов Б.А. приписывает Лобову А.С. мысль о том, что «решающую роль в этногенезе башкир отводят племенам, обитавшим на Южном Урале в 7–9 веках и ранее» [4, с. 14], указывая ссылку на страницу 20 диссертации Лобова А.С. На этой же странице, по мнению Муратова Б.А., Лобов А.С. пишет о дотюркском языковом субстрате древних башкир [4, с.17]. Если же посмотреть диссертацию Лобова А.С., то именно на этой странице Лобов А.С. не затрагивает ни одного исторического или лингвистического вопроса этногенеза башкир и их датировок, а описывает нуклеотидное разнообразие митохондриального ДНК среди башкир. Далее еще интереснее, Муратов Б.А. списывает почти две страницы [3, с. 17–19] из диссертации Лобова А.С., выдавая его мысли за свои [4, с. 16–17]. Стоит отметить, что такое «чрезмерное цитирование» встречается в тексте монографии повсеместно (например, в разделах про митохондриальное ДНК и аутосомы – уровень «чрезмерного цитирования» состав-

ляет не менее 90 %). Далее Муратов Б.А. опять приписывает Лобова А.С. в лагерь своих сторонников («сторонников туранской теории происхождения башкир» [4, с. 31]). Скорее всего, к.б.н. Лобов А.С. (как и большая часть перечисленных там авторов) очень сильно удивился бы, узнав, какой «теории происхождения башкир» он придерживается.

Во второй главе «Происхождение башкир с точки зрения Туранской гипотезы» Муратов Б.А. дает определение туранцам: «кочевые, скотоводческие сакские племена Средней Азии» [4, с. 43]. Чуть ниже Муратов Б.А. пишет: «расселение туранских (сакских) племен было обширным, от Урала и Прикаспия до Саян, Индии и Китая», тем самым запутывая читателя еще больше. Далее Муратов Б.А. озвучивает довольно спорный тезис о том, что хуун-кипчаки (ветвь башкирских кипчаков) и племя суун среди башкир это потомки туранского племени хионитов [4, с. 45].

В параграфе 2.1.1. Муратов Б.А. начинает писать целый ряд абсолютно надуманных вещей из популяционной генетики. К примеру:

1. «Среди туранцев были преимущественно R1a, но также были R1b, Q, G и другие». Если насчет первой гаплогруппы есть основания утверждать такое, то насчет трех остальных гаплогрупп таких эмпирических данных не было, кроме того, в захоронениях народов, которых Муратов Б.А. относится к туранцам встречалась гаплогруппа С. Такое «гадание на кофейной гуще» при общедоступности материалов (статей) по древнему ДНК может вызвать только удивление.

2. «По мужским линиям у башкир гаплогруппы R1a и R1b около 85–90 %, N (угро-финский) около 15 %, J2 в пределах 3 %, остальные гаплогруппы не набирают и 1 %» [4, с. 47]. Если посчитать все проценты вместе, то у нас наберется никак не менее 103–108 %, при обычных 100 % при подсчетах. При том, что гаплогруппы С3 и G набирают более 1 %, а гаплогруппы R1a и R1b составляют около 74 % [4, с. 48]. Такие досадные арифметические неточности (при нерепрезентативной выборке) никак не красят работу.

3. «Иран – также субклад R1a+L342.2, их подветвь в ДНК-генеалогии связана с линией R1a+Z2124\*Parent» [4, с.47]. В этой фразе отражена вся суть данной монографии, когда название страны абсолютно произвольно путается с названием однонуклеотидной мутации у одного человека, жившего 3–5 тысяч лет назад. Причем запись названий субкладов исполнена в «новом» формате, который использует лишь автор данной монографии (правильная запись R1a-Z342.2+).

4. «У самих венгров «угро-финские» N почти не встречаются. У венгров до 20 % R1b – возможно это и связывает венгров с башкирами» [4, с. 48]. Здесь стоит отметить, что такая примитивизация известных нам генетических данных демонстрирует всю квалификацию автора монографии. На данный момент мы знаем, что у башкир

как минимум три субклада R1b, которые конкретно связаны с определенными племенами: R1b1a1-M73 связан с карагай-кипчаками (гирей-кипчаки) и, возможно, другими башкирскими родами, R1b1a2-L23(xM412) связан с бурзянами, R1b1a2-U152 связан с племенем гайна. У венгров количество субкладов гораздо больше и связи, скорее всего, есть, но это не связи всех 20 % венгров с выделенными башкирами. Картина связей башкир и венгров не столь проста, как описал Муратов Б.А., а она намного сложнее и конкретно не связана с распространением гаплогруппы R1b среди башкир и венгров. Башкирские и венгерские R1b имели разные истории, возможно, где-то имели общие корни (как, возможно, у племени гайна, которое, судя по прямой мужской линии, имеет западноевропейское происхождение), но в большинстве своем эти связи уходят глубоко в древность, далеко за пределы нашей эры, когда не существовало ни башкир, ни венгров, ни даже хунну.

Если останавливаться на каждой ошибке Муратова Б.А., то можно будет написать рецензию в размере самой рецензируемой книги, поэтому мы ниже покажем еще ряд очевиднейших фактологических ошибок (неаргументированных фантазий) Муратова Б.А. и перейдем к методологическим ошибкам.

Ак-коюнлу и Кара-коюнлу связаны с каями [4, с. 228–231].

Носителями древнего этнонима башкир было племя тангаур, либо юрматы [4, с. 228–229].

Этногеномика состоит из нескольких разделов: ДНК-генеалогии и ДНК-археологии [4, с. 229].

Также у Муратова Б.А. в одном предложении написаны довольно примитивные обозначения географии распространения различных гаплогрупп [4, с. 228–232].

В состав кимаков Муратов Б.А. включил два «новых» племени: ишк и айрум (вместо имек и ими, которое иногда связывают с эймурами) [4, с. 230].

Акациры – это агафирсы, апасиаки это древнее название печенегов [4, с. 232].

Баяндур – огузское племя угро-самодийского происхождения [4, с. 234].

Гаплогруппа – это группа схожих гаплотипов (?), имеющих общего предка, у которого в обоих (?) гаплотипах имела место одна и та же мутация – однонуклеотидный полиморфизм [4, с. 235]. Группа схожих гаплотипов это кластер, а не гаплогруппа.

Гэрэ – племя среди северо-западных башкир... Гэрэ у башкир и гирей у татар не родственны между собой [4, с. 236].

Берендеи происходят от бурзян [4, с. 235]. Также бурзяне связаны с курдами и осетинами-дигорцами [4, с. 106]. Венцом фантазий Муратова Б.А. является «гениальная» догадка о том, что башкирское племя бурзян и есть известные по источникам монгольские борджи-

гины [4, с. 149]. То есть если воспринять эти фантазии на веру, то получится, что башкиры-бурзяне, курды, осетины-дигорцы, тюрки-берендеи и клан потомков братьев Чингиз-хана (борджигины) одного происхождения. При этом Муратов Б.А. не знает или не замечает работ других авторов по поводу возможных гаплогрупп киятов и борджигинов, приравнивая башкирских бурзян к родственникам и потомкам Чингиз-хана.

В плане методологических ошибок стоит отметить, что существует ряд методов научного изучения популяции на основе полиморфизма Y-хромосомы [5, с. 33–42].

Вкратце алгоритм применения научных методов популяционных генетиков можно выразить так:

1. Материалы и методы. Описываются генеральная совокупность и выборка, как формировалась выборка, также описываются SNP и STR-маркеры, которые были исследованы у популяции.

2. Первичные результаты исследований (декриптивная статистика) показывают частоты гаплогрупп у изученных популяций.

3. Многомерное шкалирование, расчет генетических расстояний, AMOVA, Кластерный анализ и т.д.

4. Построение филогенетических сетей (в программе Network) без учета палиндромных STR-маркеров (к примеру, 385a,b) для выделения кластеров близких гаплотипов.

5. Выделение модальных гаплотипов (гаплотипа основателя), подсчет TMRCA (время жизни первого общего предка) на основе генеалогических и эволюционных скоростей мутаций.

Методы, которые используются в исторических реконструкциях, немного отличаются от вышеуказанных методов. Они характеризуются меньшим использованием статистических методов и большим использованием качественных методов (к примеру, построение генеалогического дерева для изучаемой популяции). Но при этом такие понятия, как репрезентативная выборка, анализ TMRCA, модальный гаплотип, построение филогенетических сетей и др., также используются при исторических реконструкциях. Отличием также является построение филогенетических сетей у популяционных генетиков и тех, кто занимается историческими реконструкциями («ДНК-генеалогами»). У популяционных генетиков данные сети в программе Network строятся для выделения кластеров близкородственных гаплотипов, причем для этого используется малое количество маркеров. У ДНК-генеалогов используется гораздо большее количество маркеров, где по значениям того или иного локуса можно выделить те или иные «ветви». Иногда эти ветви выделяют без построения сетей, но при этом описывают, как эта «ветвь» отличается от других «ветвей» (какие характерные частоты именно для этой ветви в том или ином локусе).

Описав вышеуказанные методы, мы остановимся на ошибках в труде Муратова Б.А.:

1. Построение Муратовым Б.А. филогенетических сетей в программе Network абсолютно не дает никакой новой информации, а только дает «картинку-комикс». То есть здесь при построении филогенетических сетей не было никакой научной цели (тем более, что там анализировались единичные гаплотипы из разных субкладов и зачастую разных гаплогрупп). Также палиндромные маркеры не исключались при построении филогенетических сетей, что признается ошибочным у популяционных генетиков. Видимо, у Муратова Б.А. была лишь цель показать, что «автор умеет строить сети». К примеру, у Балаганской О. сети построены на основе 15 STR-маркеров (без DYS385a,b) и на основе этих сетей выделены кластеры, у которых чуть позже посчитаны TMRCA. Муратов Б.А. на основе плохого построения сетей не выделил никаких кластеров в силу как малого количества данных, включенных в сеть, так и в силу слабой компетентности в данном вопросе. Построение филогенетических сетей из единичных представителей разных гаплогрупп вообще не информативно, построение филогенетических сетей из малого количества представителей одного и того же субклада (следствие малой выборки) мало информативно. Конечно же выбор методов исследования остается прерогативой исследователя, но если уж метод используется, его нужно действительно использовать для научных целей, а не для того, чтобы убедить широкую общественность, не разбирающуюся в аспектах применения данного метода, в своей компетентности.

2. Выделение кластеров и «ветвей». Данная операция основывается либо на предыдущем построении филогенетических сетей либо на описании характерных для этой ветви значений в определенном локусе («Для этой ветви характерно значение 15 в DYS..., тогда как у всех остальных характерно значение 13 в этом же локусе»). Муратов Б.А. в этом случае использует фонарно-потолочный метод для выделения ветвей и их обозначения («от фонаря» и «с потолка»). Во-первых, он не описывает, какими значениями, в каких локусах отличаются три ветви субклада Z2123 [4, с. 117–133]. Далее эти три ветви совершенно произвольно названы как Сако-динлинская, Усуньская и Массаето-аланская ветви.

Причем его понимание истории и географии этих народов сугубо индивидуальное и не принятое в научной литературе. К примеру:

#### 2.1. «Сако-динлины»

Саки «(Sakes) – древний туранский народ, расселявшийся на огромной территории от Прикаспия до Индии и Китая» [4, с. 231].

Динлины «(Dinglings) – древний европеоидный народ Северного Китая, самоназвание этого народа было теле. Считаются потомками племен Ди» [4, с. 229]. Сюда же Муратов Б.А. приписывает аорсов, которые состоят из разных племен.

Норвежские кланы Саура и Сораман у него связаны с приходом скандинавского бога Одина с Асгарда и приходом черноволосых магов Саурона и Сарумана (вымышленные персонажи произведений Толкиена) в Норвегию с юга [4, с. 118]. Конечно же, странным кажется, почему же Муратов Б.А. не выдвинул «исторические» гипотезы о том, к каким гаплогруппам относились эльфы, гномы и хоббиты из произведения Толкиена, если он считает этих трех персонажей (Один, Саурон и Саруман) историческими личностями. Согласно Муратову Б.А., эти кланы (как и башкирские кланы Сура и Суйун), «возможно», происходят от аорсов-сарматов.

Согласно Муратову Б.А., аорсы в составе сармат известны в китайских источниках как Яньцай. Сами аорсы – это союз племен аор (авар) и саев (саки). Аорсов с динлинами и телесцами связывали племена хионитов. Хиониты позже известны в средневековом Китае как род кун. Западные аорсы, согласно Муратову Б.А., это европейские авары, а восточные это куны, предки хуун-кипсаков [4, с. 120].

2.2. «Усуни – древний туранский народ, первоначально расселившийся на территории Современного Китая» [4, с. 242].

Сюда относятся Сууны, Табынцы и Кудейцы. Муратов Б.А. считает, что «Общий модалный гаплотип башкирской и тяньшаньско-кыргызской ветвей оказался весьма схожим». Но дальнейшие исследования показали, что кыргызы в своей массе не относятся к субкладу Z2123 и приведенные отличительные признаки этой ветви такими не являются.

Далее Муратов Б.А. пишет, что «носители андроновской археологической культуры были известны в истории под именем динлин, западными соседями которых являлись сакские племена абаров и хионитов, а южными племена усуней... Позднее абары вошли в тюркешский союз племен и упоминаются в хрониках как черные клубуки, т.е. каракалпаки. В дальнейшем потомки хионитов были известны как авары и сууны, потомки абар – каракалпаки, а потомки усуней – табынцы и уйсунуны, несколько абарских родов, а также мукри – приняли участие в этногенезе современных кыргызов Тянь-Шаня» [4, с. 126].

### 2.3. Массагето-аланы

Массагеты – «крупный союз племен, состоящий из разных по происхождению кланов. Восточная ветвь массагетов известна под именем юэчжей, западная ветвь под именем алан и т.д. Предки баджгардов (башкурт), бурзян (борйан) и печенегов (апасиаков) также входили в древней массагетской конфедерации племен» [4, с. 230].

3. Говоря о выборке, можно увидеть, сколько образцов было исследовано в монографии. На страницах 209–213 опубликовано 47 гаплотипов, из которых 2 татарских гаплотипа, остальные 45 гаплотипов относятся к башкирам: 9 гаплотипов кипчаков, 6 бурзян, 6 юрматы, 8 табынов, 4 елана, 2 минга, по одному представителю таких



родов как тангаур, канглы, сура, усерган, байлар, гайна, кудей, суун, айле, катай [4, с. 209–213]. Как мы знаем, репрезентативной выборкой является выборка с количеством случаев более 30 (оптимальная выборка – 1500 человек на этнос). То есть для башкир эта выборка минимально репрезентативна. С учетом предыдущих исследований, ее можно использовать для анализа распределения гаплогрупп среди башкир в целом. Но для анализа каждого башкирского рода нужно исследовать либо как минимум 30 представителей одного рода (количественная выборка), либо как минимум 10–15 человек с подробной фактологической информацией (например, шежире) по каждому случаю (качественная выборка). У Муратова Б.А. мы не видим ни первого, ни второго относительно башкирских родов. Более того, Муратов Б.А. экстраполирует данные своих нерепрезентативных выборок на всю генеральную совокупность. Например, протестировав одного башкирского туркмен-кипчака, он пишет, что все туркмен-кипчаки такие же [4, с. 148]. Для сравнения можно посмотреть другие работы по башкирам, где на основе выборки в 100 и более человек по отдельным родам, пишутся одностраничные тезисы с предварительными результатами [2, с. 22] [6, с. 10] [7, с. 112]. Или же можно сравнить с исследованиями по казахам. На данный момент имеется выборка в 500 казахов (лаборатории Фэмили Три ДНА) с фиксацией рода и племени по каждому индивиду (у Муратова Б.А. – 45 башкир), но при этом никто не торопится писать труд по всем казахским родам. В будущем, конечно же, такая работа по казахам появится, но лишь тогда, когда выборка станет оптимальной (достигнет размера в 1500–2000 человек с четкой фиксацией родоплеменной структуры по каждому случаю).

4. Анализ TMRCA у Муратова Б.А. использовался не стандартно. Упомянутые им формулы СКРЖАММ и МС видимо известны только Муратову Б.А., так как другие авторы об их существовании и методологии просто не знают. Если посмотреть на результаты этого анализа, сразу становится понятно, что данные формулы не верны и придуманы дилетантом. К примеру, Муратов Б.А. пишет: «Так, по формуле СКРЖАММ общий предок Ногай-бурзяна–3 и Суюнбагина жил в 1662 плюс минус 38 лет, а по формуле МС их общий предок родился во второй половине ноября 1699 года» [4, с. 123]. Любой маломальский специалист скажет, что таких погрешностей (особенной погрешность в одну неделю) при расчете не бывает, кроме того, подсчет TMRCA для двух гаплотипов будет иметь гораздо большую погрешность, чем такой же подсчет для 5 и более случаев (чем выше количество гаплотипов, тем меньше погрешность).

Также не понятно, для чего стоило публиковать 97 фотографий (страницы 154–208), подавляющая часть которых не несет научной ценности вообще.

В плане историографии автором не учтено последнее историческое исследование Антонова И.В. о средневековых башкирах [1], при этом Муратов Б.А. очень часто цитирует псевдонаучные книги Галлямова С.А. «Башкорды от Гильгамеша до Заратуштры», «Башкурдский язык и санскрит» и т.д. Фактологические и методологические ошибки, а также все вышеуказанные замечания вкуче с политикой цитирования (присутствуют ритуальные и легитимизиционные ссылки, но почти нет критических ссылок с научной критикой тех или иных авторов и их гипотез о генетических данных башкир) говорит о том, что произведение Муратова Б.А. не является научным.

Ирвинг Гоффман в свое время писал о первичной и вторичной формах адаптации к различным институтам. Говоря простыми словами, у каждого института существует своя цель. У людей же могут быть две формы адаптации к данному институту. У людей с первичной формой адаптации цели совпадают с целями института, а у людей с вторичной формой адаптации цели не совпадают. К примеру, цель науки – производство нового знания. У ученых (люди с первичной формой адаптации по отношению к науке и научным учреждениям) цели те же, что и у «академии». Монографии и статьи пишутся для производства нового знания, которое производится путем критики тех или иных устаревших положений, теорий или гипотез, или путем введения в научный оборот новых данных. И, соответственно, аудитория таких исследований относительно мала, так как только ограниченный круг лиц обладают компетенцией оценить в научном плане выпущенную монографию. У людей с вторичной формой адаптации к науке цели не научные. Для них производство нового знания является вторичным, целью их деятельности может являться приобретение экономического и культурного (но только не научного) капитала, при этом аудиторией их «произведений» будут не ограниченный круг ученых, а широкие массы, которым примитивно, упрощенно в виде комикса можно подать какой-нибудь новый псевдонаучный материал или идею. Такой идеей у Галлямова С.А. было то, что «башкиры существовали еще во времена Гильгамеша и Заратуштры, а у башкирского языка есть связи с индийским санскритом», а у Муратова Б.А. такой идеей является: «Башкиры – это туранцы», основанная на маленькой нерепрезентативной выборке, неправильном использовании многих научных методов и псевдоисторических фантазиях.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Антонов И.В. Башкиры в эпоху средневековья. Уфа, ИП Галиуллин Д.А., 2012. 308 с.

2. Гумерова А.Я., Юсупов Ю.М., Асылгужин Р.Р., Дибирова Х.Д., Балановская Е.В. Генофонд и геногеография народонаселения. К вопросу о финно-угорском компоненте в этногенезе северо-восточных башкир // Сборник тезисов молодежной конференции «Популяционная генетика и генография: наука и практика». 22 ноября 2013 года. М., 2013. С. 22.

3. Лобов А.С. Структура генофонда субпопуляций башкир. Диссертация на соискание ученой степени кандидата биологических наук. Уфа, 2009. 131 с.

4. Муратов Б.А. Этногенез башкир: историография и современные исследования. 1-й том, проект «Суюн», 1-е издание. М., Урал, 2013. 267 с.

5. Сабитов Ж.М. Исследования полиморфизма Y-хромосомы в контексте истории: современное состояние дисциплины // Золотоордынское обозрение. Выпуск 3. Казань, 2014. С. 33–42.

6. Юсупов Ю.М., Гумерова А.Я., Шайхеев Р.Р., Дибирова Х.Д., Балановская Е.В. Кыпчакский субстрат в этногенезе башкир: анализ Y-хромосомы // Сборник тезисов молодежной конференции «Популяционная генетика и генография: наука и практика». 22 ноября 2013 года. М., 2013. С. 10.

7. Юсупов Ю.М., Гумерова А.Я., Балаганская О.А., Дамба Л.Д., Сабитов Ж.М., Жабагин М.К., Почешхова Э.А., Балановская Е.В. Трансуральский путь миграций кочевых племен (по данным о полиморфизме Y-хромосомы у башкирских кланов) // Тезисы 5-ой международной конференции «Алексеевские чтения» памяти академиков Т.И. Алексеевой и В.П. Алексеева. Человек в окружающей среде: этапы взаимодействия. 6–8 ноября 2013 года. М., 2013. С. 112.

**Сведения об авторе:** Жаксылык Муратович Сабитов – доцент кафедры политологии Евразийского национального университета им. Л.Н. Гумилева, Ph.D. (философия) (010008, Мунайтпасова, 5, Астана, Казахстан); babasan@yandex.ru

---

**REVIEW ON THE B.A. MURATOV'S MONOGRAPH  
"ETHNOGENESIS OF THE BASHKIRS:  
HISTORIOGRAPHY AND CONTEMPORARY RESEARCH"**

*Zh.M. Sabitov*

*(L.N. Gumilev Eurasian National University)*

The author of this review examines four main types of errors contained in the B.A. Muratov's book "Ethnogenesis of the Bashkirs: Historiography and Contemporary Research".

1. Factual errors. The author often makes factual errors by inventing some facts or ideas, which he attributes to certain researchers.

2. Methodological errors. An improper use of the population genetics methods has led the author of this monograph to incorrect conclusions. The author

does not use at all such methods as multidimensional scaling, calculation of genetic distances, AMOVA, cluster analysis, etc. In turn, the author incorrectly uses such methods as the construction of phylogenetic networks and the allocation of close haplotypes based on networks of clusters. The author has not made a selection of modal haplotype (haplotype of the founder). He made a lot of mistakes in calculating TMRCA (the lifetime of the first common ancestor) based on genealogical and evolutionary rates of mutations. One of the main errors is the small sample size for the study of Bashkir clans (n=45). Therefore, the conclusions drawn from such a small sample, are poorly reasoned.

3. Historical fantasy. For example, B.A. Muratov quite unreasonably hypothesizes about the genetic connection of the Bashkir tribe Burzyan with the Mongol tribe Kiyat-Bordjigin. He also put forward unsubstantiated hypotheses about the genetic connection of the same Bashkir tribe Burzyan with Kurds, Ossetians-Digorians, Berendeys. At the same time, Muratov, naturally, did not provide any genetic evidence (belonging to a common terminal SNP-marker).

4. Grammatical mistakes. The main thesis of the B.A. Muratov's book sounds like: the Bashkirs are (certain) "Turanians". The main mistake here is the identification of SNP-marker Z2123 with the ethno-religious category of "Turan". This identification is not methodologically correct as social constructs and genetic markers are different in nature of their appearance, functioning and development. Thus, the mixing of genetic markers and ethno-religious is not methodologically correct when reconstructing history.

**Keywords:** B.A. Muratov, polymorphism, Y-chromosomes, ethnogenesis, Bashkirs, methods of population genetics.

#### REFERENCES

1. Antonov I.V. *Bashkiry v epokhu srednevekov'ya*. [The Bashkirs in the Middle Ages.]. Ufa, IP Galiullin D.A. 2012. 308 p.
2. Gumerova A.Y., Yusupov Y.M., Asylguzhin R.R., Dibirova Kh.D., Balanovskaya E.V. *Genofond i genogeografiya narodonaseleniya. K voprosu o finno-ugorskom komponente v etnogeneze severo-vostochnykh Bashkir* [The Gene Pool of the Population and Genogeography. On the Finno-Ugric Component in the Ethnogenesis of the Northeastern Bashkirs]. *Sbornik tezisov molodezhnoy konferentsii «Populyatsionnaya genetika i genografiya: nauk i praktika»*. [Collection of theses from the youth conference "Population genetics and genography: Science and Practice", November 22, 2013]. Moscow, 2013. P. 22.
3. Lobov A.S. *Struktura genofonda subpopulyatsiy bashkir. Dissertatsiya na soiskanie uchenoy stepeni kandidata biologicheskikh nauk* [The Gene Pool Structure of the Bashkir Subpopulations. Dissertation for the degree of candidate of biological sciences]. Ufa, 2009. 131 p.
4. Muratov B.A. *Etnogenez bashkir: istoriografiya i sovremennye issledovaniya* [Ethnogenesis of the Bashkirs: Historiography and Contemporary Research]. 1-y tom, proekt «Suyun», 1-e izdanie. Moscow, Ural, 2013, 267 p.
5. Sabitov Zh.M. *Issledovaniya polimorfizma Y-khromosomy v kontekste istorii: sovremennoe sostoyanie distsipliny* [Studies of Y-chromosome polymorphism in the context of history: the current state of the discipline] *Zolotoordynskoe obozrenie* [Golden Horde Review]. No. 3. Kazan, 2014, pp. 33–42.

6. Yusupov Y.M., Gumerova A.Y., Shaykheev R.R., Dibirova Kh.D., Balanovskaya E.V. *Кыпчакский субстрат в этногенезе башкир: анализ Y-хромосомы*. [The Kipchak Substrate in the Bashkir Ethnogenesis: An analysis of Y-chromosome]. *Sbornik tezisev molodezhnoy konferentsii «Populyatsionnaya genetika i genografiya: nauk i praktika»*. [Collection of theses from the youth conference “Population genetics and genography: Science and Practice”, November 22, 2013]. Moscow, 2013. P. 10.

7. Yusupov Y.M., Gumerova A.Y., Balaganskaya O.A., Damba L.D., Sabitov Zh.M., Zhabagin M.K., Pocheshkhova E.A., Balanovskaya E.V. *Transural'skiy put' migratsiy kochevykh plemen (po dannym o polimorfizme Y-khromosomy u bashkirskikh klanov)* [The Transuralian Way of Migrations of Nomadic Tribes (according to data on the Y-chromosome polymorphism among the Bashkir clans)] *Tezisy 5-oy mezhdunarodnoy konferentsii «Alekseevskie chteniya» pamyati akademikov T.I. Alekseev i V.P. Alekseeva. Chelovek v okruzhayushchey srede: etapy vzaimodeystviya* [Abstracts of the Fifth International Conference “Alekseyev Readings” in memory of Academicians T. I. Alekseev and V.P. Alekseev. A Man in the Environment: the stages of interaction. 6<sup>th</sup>–8<sup>th</sup> November, 2013]. Moscow, 2013. P. 112

**About the author:** Zhaksylyk Muratovich Sabitov – Associate Professor, Political Science Department, L.N. Gumilev Eurasian National University, Ph.D. (Philosophy) (010008, Munaytpasov st., building 5, Astana, Kazakhstan); babasan@yandex.ru