

## Гаплогруппа R1a1 и ее субклады в Азии

**Критический разбор статьи “Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route” (Hua Zhong, Hong Shi, Xue-Bin Qi, Zi-Yuan Duan, Ping-Ping Tan, Li Jin, Bing Su, and Runlin Z. Ma, Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010, 29 стр.**

**Анатолий А. Клёсов**

**<http://aklyosov.home.comcast.net>**

Данная статья продолжает материал предыдущего выпуска Вестника по гаплогруппе R1b, преимущественно в Азии. Как уже было отмечено, анализируемая статья (Zhong et al, 2010) в самых худших традициях популяционной генетики, ставших уже нормой в академических публикациях, использует исключительно так называемый «метод Животовского» для расчета хронологии и истории популяций в отношении времен жизни их предков. Поэтому никакой ценности в отношении исторических рассматриваемых статья не имеет. То, что авторы использовали «эволюционную скорость мутации 0.00069 на поколение» «по Животовскому», означает полную неопределенность в получаемых величинах датировок, которые могут «гулять» в диапазоне примерно от 200% до 400% выше правильных величин. В итоге «общий предок» получается совершенно фантомным, и расчетная временная дистанция до него обычно завышена в 2-4 раза. То, что авторы начинают фантазировать о некоторых «миграциях по северному пути» 18 тысяч лет назад, на самом деле может быть временами 5-6 тысяч лет назад, да и то неправильно, поскольку авторы в расчетах смешивали как недавние, так и более древние популяции. То, что у авторов датируется примерно 3 тысячи лет назад, окажется скорее концом первого – началом второго тысячелетия НАШЕЙ эры. Ясно, что никакого смысла подобные «датировки» не имеют, и на этом обсуждение статьи уже закончилось. Основные выводы статьи рассмотрены в (Клёсов, 2010a), и показано, что ни один из них не основан на фактических данных, или представляет общие слова. Например, один из основных выводов работы, вынесенный в Абстракт, гласит, что имеется «генетическая дивергенция» между южными и северными популяциями в Восточной Азии, и она обусловлена «ограниченным древним вкладом из западной Евразии». Никаких доказательств к этому не дано.

Так что сразу перейдем к гаплотипам и гаплогруппам, по которым статья богата конкретной информацией, в том числе – и в особенности – в Азии. Среди них – гаплогруппа R1a1. Гаплотипы, правда, короткие, всего 8-маркерные (DYS393, 390, 19, 391, 388, 389-1, 392, 389-2), но для многих районов Азии и это редкость. Всё остальное в статье ценности, как было отмечено, не представляет. Напомним, что в работе было типировано 3826 человек, среди них 116 популяций Китая и одна популяция из Южной Кореи, и показано, что 93% их (восточно-азиатских популяций) относятся всего к четырем гаплогруппам – O, D, C и N, а именно O-M175, D-M174, C-M130 и N-M231, причем и на севере, и на юге. Помимо того, в тех же популяциях найдены еще несколько гаплогрупп (E, C-5, G, H, I, J, L, Q, R и T), которые найдены в основном на севере Восточной Азии, и интерпретированы авторами как имеющие среднеазиатское и западноазиатское происхождение, «на основе их филогеографического анализа».

По данным авторов гаплогруппа O охватывает 64% популяции в восточной Азии, гаплогруппа C (без C5) – 12%, гаплогруппа D – 11%, гаплогруппа N – 6% (данные округлены до целых чисел). Данные полезные, но на наш вопрос выше не отвечают. Частоты гаплогрупп E, C-5, G, H, I, L и T составляли доли процента (0.04 – 0.24%), частоты J-P209 – 1.1%, Q-M242 – 1.7%, R-M207 – 3.1% (данные округлены, во избежание неверного по сути завышения точности данных; для того, чтобы рассчитывать до сотых долей процента, как это делают авторы, надо, чтобы общая популяция была как минимум 10 тысяч человек). На самом деле в выборке в несколько тысяч человек было обнаружено следующее число носителей гаплотипов:

I – 2 чел  
T – 2  
E – 6  
G – 10  
H – 12  
L – 12  
J – 54  
Q – 82  
R – 151

Из этого уже можно было бы заключить, на мой взгляд, что источник гаплогрупп R и Q должен быть где-то поблизости от Китая, гаплогруппы H, L и J, скорее всего, прибыли из соседней Индии (гаплогруппы R1b в Индии практически нет, а гаплогруппы R1a там вряд ли в три раза больше по

сравнению с J). К тому же уже было показано, что гаплогруппа R1a в Китае намного древнее, чем в Индии (Klyosov, 2009; Клёсов, 2009).

В статье есть предположение, что R1a1 образовалась в западной Евразии или в Средней Азии, с «ранними миграциями» оттуда (без датировок), и пришла в восточную Азию «северным путем». Откуда – конкретно не говорится, но упоминается, что R1a1 много в Европе и в западной Азии (в Турции?). Потом предполагается, что R1a1-M17 прибыли в восточную Азию «вероятно из Центральной Азии», и «долго дифференцировалась».

Как и ожидалось, эти традиционные и стандартные «формулировки» «популяционной генетики» дадут немного в понимании исторических процессов появления родов и их древних миграций. Применим подходы ДНК-генеалогии.

Итак, проанализируем, в какой степени данные обсуждаемой статьи могут дополнить или изменить следующую концепцию о миграции гаплогруппы R1a:

*Гаплогруппа R1a1, как и родственная ей R1b1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, гаплогруппа P, прибыли в район Алтая примерно 50-45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа P разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (по данным радиоуглеродного анализа), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы P в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1a образовалась примерно 21 тысячу лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители предположительно прошли через территории (современных) Пакистана и Индии (необязательно последовательно, так как обе территории примыкают к алтайскому и сопредельным горным регионам), Афганистану и Иранскому плато, пересекли Малую Азию с востока на запад, и через проливы прошли на Балканы. «Древнейшие» балканские гаплотипы R1a1 имеют общего предка, жившего  $11,600 \pm 1,600$  лет назад. На этом пути древние мигранты гаплогруппы R1a1 отходили от основного маршрута и привели к появлению ветвей гаплогруппы на Аравийском полуострове и в Египте. Возможно, миграция носителей гаплогруппы R1a1 через Анатолию на запад 11-9 тысяч лет назад привела к появлению там пра-индоевропейского языка, который и был в итоге принесен в Европу, на Балканы. Таким образом, «прародиной» ИЕ языков могла быть все обширная территория от Индии до Балкан.*

*Примерно 6 тысяч лет назад носители гаплогруппы R1a1 начали активное расселение по Европе, что привело к разделению пра-ИЕ языка на ветви, и около 5 тысяч лет назад R1a1 вышли на Русскую равнину. Общим предком гаплотипов R1a1 Русской равнины жил примерно 4800 лет назад.*

*За несколько столетий будущие арии (гаплогруппа R1a1) заселили территорию от Балтики до Кавказа, перешли через Кавказские горы (или прошли вдоль побережья) в Анатолию (4200-3600 лет назад) и прилегающие территории, продвинулись на восток до Средней Азии и южного Урала примерно 4000 лет назад, на южном Урале основали металлургические центры («страна городов») 4000-3600 лет назад, прошли в Зауралье (ископаемые останки R1a1 датируются 3800-3400 лет назад) и далее до Алтая и Северного Китая, и примерно 3500 лет назад передвинулись на Индостан и Иранское плато. Общие предки индийских и иранских гаплотипов жили соответственно 4050 и 4025 лет назад.*

*Примерно 4500 лет назад гаплотипы R1a1 в подавляющем большинстве исчезли из Европы, в результате или крупного природного катаклизма, или нашествия носителей гаплотипов R1b1 (4800-4500 лет назад). Вместе с ними в значительной степени исчезли и носители гаплогруппы I1. Перезаселение Европы произошло только в середине 1-го тыс. до н.э., и началось не ранее конца 2-го – начала 1-го тысячелетия до н.э. Среди мигрантов того времени были центральноевропейская ветвь, западнославянская ветвь, скандинавская ветвь. Волны переселения R1a1 на запад с Русской равнины продолжались до середины 1-го тысячелетия н.э., включая, видимо, племена R1a1 из Средней Азии и Зауралья, потомков ариев с территориями Андроновской культуры. Часть викингов 9-11 вв тоже составили переселенцы с востока, носители гаплотипов R1a1. Их потомки в составе армии Вильгельма-Завоевателя в 11 веке дополнили передвижение гаплогруппы R1a1 на Британские острова. В настоящее время носителей гаплогруппы R1a1 среди этнических русских составляет до 62%, среди индийских высших каст – до 72%. Гаплотипы многих этнических русских, в особенности принадлежащих центрально-евразийской ветви R1a1, практически неотличимы вплоть до 67-маркерного формата от гаплотипов R1a1 индийцев-«индоевропейцев».*

Список гаплотипов и гаплогрупп обсуждаемой статьи мог бы усилить или, напротив, заставить пересмотреть некоторые положения приведенной выше концепции, в первую очередь о месте и времени начала миграционного пути гаплогруппы R1a1. Посмотрим на данные статьи под этим углом. Под «данными» здесь имеются в виду, конечно, не бесполезные, как отмечалось выше, бездоказательные интерпретации статьи про «северный» или «южный путь» или столь же бездоказательные «связи» между Китаем и западной Азией, при которых гаплотипы вообще не рассматривались. И не некие «вариации». Под данными здесь имеются в

виду именно первичные гаплотипы, анализ которых в статье и не проводился. Текст статьи вообще не включает ни одного гаплотипа.

На рис. 1 приведено дерево гаплотипов гаплогруппы R1a1 с субкладами R1a1-M17 (281 человек) и R1a1\*-M17 (84 человек). Анализ столь сложных деревьев в ДНК-генеалогии еще не разработан, алгоритма к этому нет. К такому дереву надо подобрать ключик, чтобы выявить там определенные популяции и времена до их общих предков. Собственно, к этому и сводится техническая часть ДНК-генеалогии – выявить «фрагменты информации» столь сложной системы, как показана на рис. 1 – с точки зрения отдельных популяций, территорий, ветвей дерева, субкладов, всё, что можно выделить как самостоятельную «информационную компоненту», и далее переходить к интерпретации этих компонент в отношении времен и направлений древних миграций, их роли в истории, языкознании, и подобных предположений и выводов. Важно, чтобы интерпретация сопровождалась уже имеющимися сведениями из смежных дисциплин, и ДНК-генеалогия либо будет усиливать достоверность этих сведений, либо выявлять в них противоречия.

### **Константа скорости мутаций для 8-маркерных гаплотипов (DYS393, 390, 19, 391, 388, 389-1, 392, 389-2)**

Поскольку в цитируемой работе рассматривались 8-маркерные гаплотипы (точнее, они даже не рассматривались, но приведены в таблицах Приложения), то важно уточнить константу скорости мутации для расчета хронологии обитания и миграций носителей гаплотипов.

В работе (Klyosov, 2009) нами дана величина 0.013 мутаций на гаплотип на поколение (25 лет) и 0.00163 мутаций на маркер на поколение. Она была рассчитана, используя данные Чандлера (Chandler, 2006) для указанных восьми маркеров  $0.00076+0.00311+0.00151+0.00265+0.00022+ 0.00186+ 0.00052+ 0.00242 = 0.01305$  мутаций на гаплотип на поколение.

Для сравнения, указанные восемь маркеров претерпели 43 мутации на 88 гаплотипов в серии Доналдов R1a1, при этом маркеры DYS388 и DYS392 мутаций за 26 поколений не показали. Простой расчет дает  $43/88/26 = 0.0188$  мутаций на гаплотип на поколение, то есть заметно более высокую величину, чем 0.0013.

172 гаплотипа гаплогруппы R1b1b2-M222, которые дали хорошую сходимость по всем панелям маркеров, и по логарифмическому методу, имели 126 мутаций в указанных 8-маркерных гаплотипах, что дает

$126/172/0.013 = 56 \rightarrow 60$  поколений, то есть  $1500 \pm 200$  лет до общего предка. Это прекрасно согласуется с величиной  $58 \rightarrow 62$  поколения ( $1575 \pm 170$  лет), полученных для данной серии для 25-маркерных гаплотипов (462 мутации), и с величиной  $55 \rightarrow 58$  поколений ( $1450 \pm 160$  лет) для десяти разных серий 12 и 25-маркерных гаплотипов (Klyosov, 2010). Таким образом, константа 0.013 хорошо описывает реальные данные на глубину более тысячи лет.

Еще проверка. По данным пар отец-сын (Ballantyne et al, 2010), описанным в первой статье в данном выпуске Вестника, указанные 8 маркеров имеют следующую суммарную скорость мутации (DYS388 не показал мутаций почти в двух тысячах пар отец-сын):  $0.00171 + 0.00114 + 0.00399 + 0.00284 + 0.00514 + 0.00058 + 0.00344 = 0.01884$  мутаций на маркер на поколение в 32 года (см. первую статью в данном выпуске Вестника), то есть 0.0147 мутаций на гаплотип на поколение в 25 лет. Эта величина на 13% выше, чем 0.013, что, впрочем, укладывается в обычную погрешность измерений и расчетов.

Таким образом, продолжим принимать в качестве основной константу скорости 0.013 мутаций на 8-маркерный гаплотип на поколение (25 лет). Тем не менее, следует учитывать, что для некоторых серий гаплотипов она может оказаться несколько заниженной, то есть приводить к несколько большей древности общих предков популяций.

На это может указывать еще один пример, рассматриваемый далее в настоящей статье. Серия из 42 10-маркерных пакистанских гаплотипов (в формате DYS 393, 390, 19, 391, X, X, X, 388, 439, 389-1, 392, 389-2, - 461, с константой скорости мутации 0.018 на гаплотип на поколение в 25 лет), приведенная в работе (Sengupta et al, 2006) показала 158 мутаций от обобщенного (фантомного) базового гаплотипа всего дерева (на самом деле состоящего из четырех характерных ветвей), что дает  $158/42/0.018 = 209 \rightarrow 264$  поколения, то есть 6600 лет до общего предка. Но та же серия (по какой-то причине из 43 гаплотипов) со снятыми двумя маркерами и переведенная таким образом авторами рассматриваемой статьи в 8-маркерные имеет от того же базового (но 8-маркерного) гаплотипа 140 мутаций, что дает  $140/43/0.013 = 250 \rightarrow 331$  поколение, то есть 8275 лет до общего предка. Данные совпали бы, если 8-маркерные гаплотипы имели скорость мутации 0.0156, то есть на 20% выше, поскольку  $140/43/0.0156 = 209 \rightarrow 264$  поколения. С другой стороны, нет гарантий, что скорость мутаций для 10-маркерных гаплотипов не завышена на 10%, а для 8-маркерных не занижена на 10%, поскольку в этом случае данные бы тоже совпали. В любом варианте, мы говорим о 10%-ных вариациях, что не меняет сути и значимости выводов нашей работы, которые по масштабу значительно выше.

## Деревья гаплотипов и их анализ

Первый возможный критерий к расшифровке дерева на рис.1 мог быть разделение гаплотипов на субклады R1a1\* и R1a1. Субклады со звездочкой часто представляют более древние популяции, которые за прошедшие тысячелетия не редуцировались до «нисходящих», более молодых субкладов. Но это вовсе не означает, что субклады со звездочкой всегда будут иметь более древнего общего предка. Дело в том, что бутылочные горлышки популяций, особенно в столь сложных системах, таких, как показана на рис. 1, могут значительно укоротить времена до общих предков самых древних субкладов. Поэтому, строго говоря, субклады со звездочкой обычно являются вышестоящими по филогении гаплогруппы, но времена до общих предков это могут не выявлять. В идеальной ситуации параллельно работают два принципа: (1) базовые гаплотипы субклада со звездочкой отличаются от базовых гаплотипов субклада без звездочек, и (2) общий предок (или общие предки в случае нескольких ветвей) субклада со звездочкой древнее, чем общий предок субкладов без звездочек. Тогда картина значительно проясняется, а если еще и регионы легко дифференцируются, то ситуация еще проще для анализа.

Посмотрим на дерево (рис. 1). Оно заметно разделяется на две примерно равных половины. Но это не разделение по указанным субкладам. Во-первых, субклад R1a1\* занимает только 23% выборки, и никак не мог бы охватывать половину дерева, во-вторых, гаплотипы субклада R1a1\* рассеяны по всему дереву. Иначе говоря, низкая разрешающая способность 8-маркерных гаплотипов не в силах дифференцировать гаплотипы по субкладам. Из 365 гаплотипов дерева 19 являются базовыми

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

где X – пропущенные маркеры DYS 385a, 385b, 426 и 439. Из этих базовых гаплотипов три R1a1\*, то есть 16% от всех. То есть дифференциация R1a1\* и R1a1 не проходит даже на уровне базовых гаплотипов.

Ясно, что если у этого дерева есть один общий предок, то он должен быть из субклада R1a1\* - опять, в идеальном случае. Формальный расчет всего дерева дает  $[\ln(365)/19]/0.013 = 227 \rightarrow 292$  поколения (с поправкой на возвратные мутации), то есть 7300 лет до общего предка. Это – высокая величина для гаплотипов R1a1, но, как оказалось, фантомная. Потому что все дерево содержит 836 мутаций от приведенного базового гаплотипа, что дает  $836/365/0.013 = 176 \rightarrow 214$  поколений, то есть 5350 лет до общего предка. Поскольку обе величины не совпадают (отношение 1.36, очень

велико по сравнению с теоретическим 1.00 для одного общего предка), то гаплотипы в самом деле произошли от нескольких (фактически независимых) общих предков, хотя и принадлежащих гаплогруппе R1a.

Перейдем к популяциям R1a1 и R1a1\*. Как уже было отмечено, дерево гаплотипов как целое их не разделяет. Однако есть ветви с преобладающими субкладами. В отношении R1a1\* это, как правило, молодые ветви. Поэтому эти ветви «умолаживают» субклад R1a1\* в целом. Имеются молодые ветви и в субкладе R1a1, но их относительно меньше. Например, две самые крупные плоские ветви (в которых все гаплотипы одинаковы) этих двух субкладов, в позиции на 2 часа (рис. 1), содержат 10 гаплотипов

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **18**

субклада R1a1\* из 13 (выделено отличие от базового гаплотипа всего дерева),

и 11 гаплотипов

13 25 **15** 11 X X X 12 X 13 11 **18**

субклада R1a1 из 13 (также выделено отличие от базового гаплотипа всего дерева).

Рядом с ними находится высокая ветвь из пяти гаплотипов (329, 325, 330, 110 и 109), в которых три уйгура R1a1\* и два итальянца R1a1, так что эти уйгуры и итальянцы не могут происходить друг от друга. Их общий предок (восходящий к субкладу R1a1\*, но потомки получили последующие бинарные мутации) жил (формальный подсчет) примерно 5900 лет назад (21 мутация в пяти гаплотипах по отношению к их базовому гаплотипу 13 23 14 10 X X X 12 X 14 13 16), а общий предок по отношению ко всему дереву жил около 17 тысяч лет назад (поскольку этот базовый гаплотип ветви отличается на 9 мутаций от базового 10-маркерного гаплотипа всего дерева). Мы здесь узнаем характерную аллель DYS392 = 13, свойственную особенно древним гаплотипам группы R1a1 (Рожанский и Клёсов, 2009).

Интересно, что у всех трех уйгуров данной ветви (субклад R1a1\*) эта аллель равна 14, 14 и 13, а у итальянцев (субклад R1a1) – 11 и 13. То есть эта древняя аллель была донесена от Алтая через смену субклада от азиатского R1a1\* к европейскому R1a1, но сама аллель не изменилась. Во-первых, этот маркер один из самых медленных, и во-вторых, смена субклада происходит независимо от смены аллелей. Это – совершенно разные мутации.

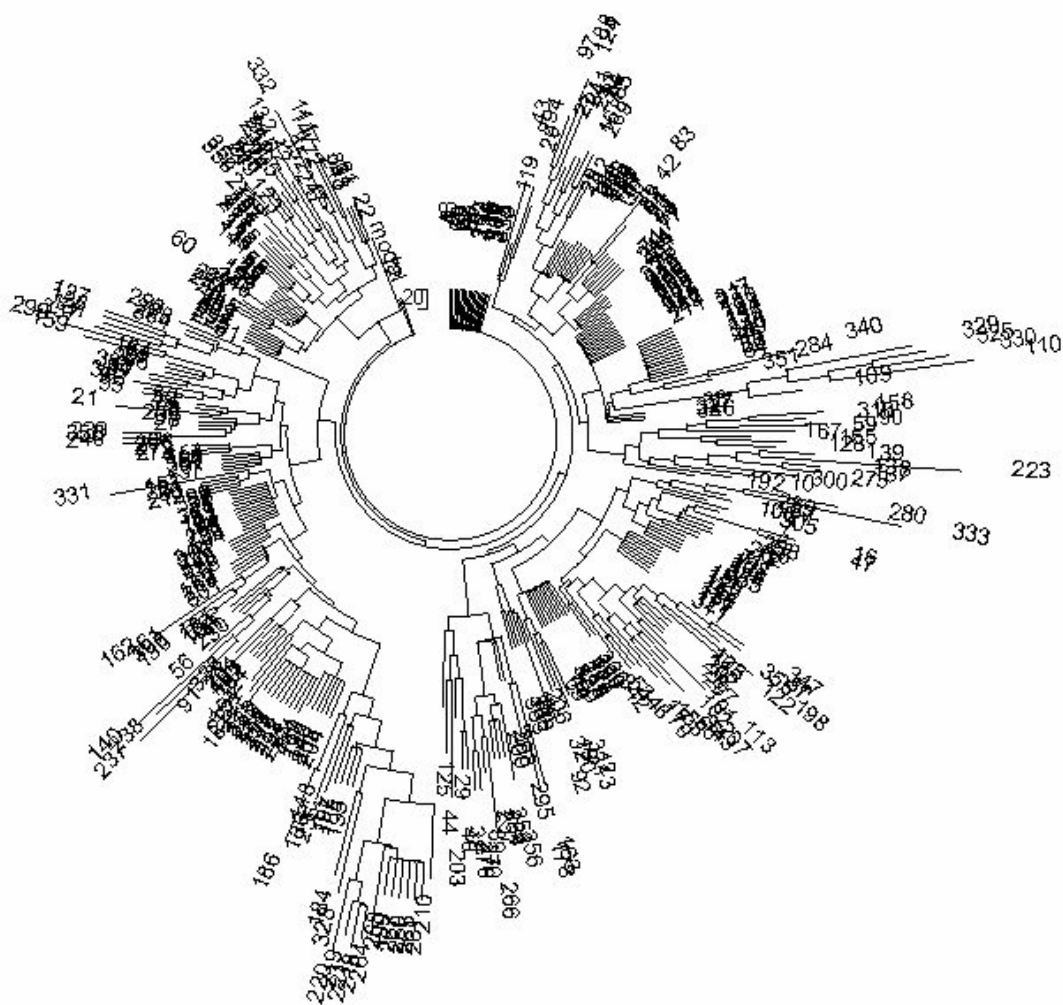


Рис. 1. Дерево из 365 8-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 по всему миру. Построено по данным Zhong et al (2010). На дереве представлены субклады R1a1 (1-281), базовый гаплотип 13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **30**

и R1a1\* (282-365), базовый гаплотип 13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **31**.

В отношении этничности на дереве представлены:

- субклад R1a1 (Европа и Индостан): турки 1-36, центральная Азия 37-46, о. Крит 47-62, албанцы 63-68, аромуны из Македонии 69-88, греки 89-97, македонцы 98-103, румыны 104-108, итальянцы 109-128, индийцы 129-238, и пакистанцы 239-281;

- субклад R1a1\* (в основном Азия восточнее Индостана): уйгуры 304-357, Hui 282, 363, 364, Xibe 365, Hazak 358-362, Han 283-298, тибетцы 299-301, монголы 302-303.

Следующий – по часовой стрелке – сильно мутированный гаплотип 223, индиец. Это – субклад R1a1, как и все окружающие его гаплотипы ветви. Поскольку все индийцы и пакистанцы имеют субклад R1a1, то смена субклада от восточно-азиатского R1a1\* к нижеследующему R1a1 произошла, видимо, по разделу Монголия-Алтай-Тибет от Индии и Пакистана. Далее, на запад, все гаплотипы этой гаплогруппы уже относятся к субкладу R1a1. Можно полагать, что древнейшие носители гаплогруппы R1a1 обитали на Алтае и восточнее многие тысячелетия, если продвижение их на запад было уже со сдвинутым субкладом R1a1\* → R1a1.

Ранее нами было показано, что возраст общих предков гаплотипов R1a в Индии-Пакистане составляет максимум (по имеющимся данным) 12400 лет. Если это действительно возраст древнейших предков там, то носители гаплогруппы R1a не передвигались западнее Тибета на протяжении почти 10 тысяч лет. Или продвигались, но их потомки не выжили. Еще пример – мутированный гаплотип индийца (223) имеет вид

13 23 15 10 X X X 13 X 12 10 17

то есть имеет 7 мутаций от базового 8-маркерного гаплотипа всего дерева. Это – явно не «индоевропейский» гаплотип. Такая дистанция в среднем соответствует 26 тысяч лет от базового гаплотипа всего дерева, и помещает их общего предка на 15800 лет назад. Сами величины здесь не важны, они все равно лишь приблизительные. Но они показывают, насколько могут быть древними предки этих гаплотипов.

Следующий «выдающийся» на дереве гаплотип – номер 333, справа на 3 часа. Это – уйгур, древний субклад R1a1\*. Рядом – гаплотип пакистанца (280), но уже субклада R1a1. Как видно, обнаруженная закономерность продолжает соблюдаться. Гаплотип уйгура имеет вид

12 25 17 11 X X X 12 X 14 13 18

Здесь 6 мутаций по сравнению с базовым гаплотипом всего дерева (примерно 13 тысяч лет до общего предка), и опять знакомая древняя аллель DYS392 = 13.

Опять «выдающийся» гаплотип слева, номер 331, опять уйгур, субклад R1a1\*, и опять DYS392 = 13 при шести мутациях от базового гаплотипа всего дерева:

13 25 13 10 X X X 12 X 13 13 17

На последующих двух высоких и относительно населенных ветвях опять самыми «выдающимися» оказываются гаплотипы уйгуров (299, 332 и другие)

13 24 16 11 X X X 12 X 14 12 18  
12 24 16 11 X X X 12 X 14 11 17

Явно, уйгуры занимают древнее место в этой серии из 365 гаплотипов. Попробуем рассчитать времена их общих предков по сравнению с фантомной величиной 5350 лет для всего дерева (см. выше).

281 гаплотип субклада R1a1 имеют базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

то есть точно такой же, как и базовый гаплотип всего дерева. Все 281 гаплотипов содержат 769 мутаций от указанного базового гаплотипа, что дает  $769/281/0.013 = 211 \rightarrow 266$  поколений, то есть 6650 лет до общего предка.

84 гаплотипов субклада R1a1\* имеют базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **18**

Это – тот же самый, что был найден выше из самой большой плоской ветви. Все 84 гаплотипов содержат 215 мутаций, что дает  $215/84/0.013 = 197 \rightarrow 244$  поколения, или 6100 лет до общего предка. Видимо, древнейшие общие предки субклада R1a1\* пострадали больше в отношении выживаемости потомков, чем у субклада R1a1, ушедшего на запад.

Посмотрим на ситуацию отдельно по уйгурам. Все 54 гаплотипа уйгуров имеют субклад R1a1\* и базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

который в точности соответствует базовому гаплотипу всего дерева. Это опять может указывать на то, что именно алтайские гаплотипы являются базовыми для всех гаплотипов R1a1. Все 54 гаплотипа имеют 147 мутаций, что дает  $147/54/0.013 = 209 \rightarrow 264$  поколения, или примерно 6600 лет до общего предка этих 54 гаплотипов. Это заметно больше, чем 6100 лет для субклада R1a1\*, видимо, за счет снятия ряда молодых ветвей в субкладе.



Применим еще один подход к анализу гаплотипов уйгуров. На рис. 2 приведено дерево из 54 гаплотипов. На нем явно выделяется древняя ветвь из шести гаплотипов в нижней части дерева. Базовый гаплотип этой ветви

13 25 14 10 X X X 12 X 14 13 16

и вся ветвь имеет 17 мутаций, что дает  $17/6/0.013 = 218 \rightarrow 278$  поколений, то есть  $6950 \pm 1800$  лет до общего предка. По сравнению с типичным европейским (или «индоевропейским») гаплотипов

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

он отличается на 7 мутаций (что соответствует  $538 \rightarrow 1047$  поколений, или примерно 26175 лет), и помещает ИХ общих предков примерно на 19 тысяч лет назад. В совокупности с полученной выше датой примерно 23600 лет назад это и дает в среднем 21000 лет назад для времени жизни общего предка уйгурских и европейских гаплотипов.

Еще одна восточно-азиатская популяция – казаки. Их всего 5 гаплотипов

13	25	16	10	12	13	12	16
13	24	17	11	12	11	11	18
13	25	15	11	12	13	11	17
13	24	15	11	12	13	11	17
13	24	17	11	12	11	11	18
13	25	16	11	12	12	11	17

но порядок величины до общего предка оценить можно. Базовый гаплотип

13 24 16 11 X X X 12 X 13 11 17

на все гаплотипы – 17 мутаций, что дает  $17/5/0.013 = 262 \rightarrow 352$  поколения, то есть примерно 8800 лет до общего предка.

Между уйгурами и казаками всего одна мутация в базовых гаплотипах, что делает их довольно близкими родственниками, и показывает, что 6600 лет до общего предка уйгуров в одной ветви – действительно заниженная величина.

10 центрально-азиатских гаплотипов уже относятся к более позднему субкладу R1a1, и имеют следующий базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **18**

Гаплотип отличается всего на одну мутацию (отмечено), но субклад уже другой. Все 10 гаплотипов имеют только 24 мутации, что дает  $24/10/0.013 = 185 \rightarrow 226$  поколений, то есть примерно 5650 лет до общего предка.

Несколько моложе возраст у целого ряда европейских популяций, таких как критских гаплотипов с плато Латиши, с базовым гаплотипом

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

и 16 мутациями на 8 гаплотипов, что дает  $16/8/0.013 = 154 \rightarrow 182$  поколения, то есть примерно 4550 лет до общего предка. Это – типично европейские времена до общих предков, если не разделять ветви.

Базовый гаплотип критских же гаплотипов префектуры Гераклион,

13 24 16 11 X X X 12 X 13 11 17

вся серия имеет 12 мутаций на 6 гаплотипов, что дает те же 4550 лет до общего предка.

Такие же по древности общие предки турецких гаплотипов, с базовым гаплотипом

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

и 72 мутациями на 36 гаплотипов, что дает те же примерно 4550 лет до общего предка. Опять типично европейские величины.

Остальные европейские серии гаплотипов по странам в данной статье показывают относительно недавних общих предков популяций. Например, все шесть гаплотипов Македонии имеют 7 мутаций от базового гаплотипа

13 25 16 10 X X X 12 X 13 11 17

что дает  $7/6/0.013 = 90 \rightarrow 99$  поколений, то есть примерно 2475 лет до общего предка. Пять гаплотипов румын с базовым гаплотипом

13 25 17 11 X X X 12 X 13 11 17

имеют семь мутаций, что дает  $7/5/0.013 = 108 \rightarrow 121$  поколение, то есть примерно 3025 лет до общего предка.

На общем фоне среди европейских гаплотипов выделяются только гаплотипы с Апеннин и Греции. 18 гаплотипов итальянцев имеют базовый

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

то есть такой же, как у многих европейских популяций, а также у уйгуров, но на Апеннинах эти гаплотипы, в отличие от уйгурских, относятся к более недавнему субкладу R1a1. Они имели 55 мутаций на 18 гаплотипов, что дало  $55/18/0.013 = 235 \rightarrow 306$  поколений, то есть примерно 7650 лет до общего предка. При этом аллель DYS392 = 13 у них почти отсутствует (одна из 18). Впрочем, последующие исследования (см. ниже) не подтвердили столь древнего предка итальянских и греческих (см. следующий абзац) гаплотипов.

9 гаплотипов Греции имеют базовый

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

то есть опять такой же, как у уйгуров (R1a1\*), турок (R1a1), итальянцев, критян Латиши, с 23 мутациями, что дает  $23/9/0.013 = 197 \rightarrow 244$  поколения, то есть 6100 лет до общего предка. К сожалению, статья не включает гаплотипы с Русской равнины, и прямое сопоставление 8-маркерных гаплотипов по данным статьи не провести. По другой серии данных, 143 гаплотипа с Русской равнины (Ysearch) имеют такой же базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

и вся серия имеет 272 мутации. Это дает  $272/143/0.013 = 146 \rightarrow 170$  поколений, то есть примерно 4250 лет. По данным Underhill et al (Underhill et al, 2009) 28 гаплотипов России и Украины имеют тот же базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

и вся серия имеет 43 мутации, что дает  $43/28/0.013 = 118 \rightarrow 134$  поколения, то есть 3350 лет до общего предка. В любом случае, эти гаплотипы намного «моложе», чем итальянские, греческие, центральноазиатские, с базовым гаплотипом

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 **18**

и уйгурские. Возможно, столь значительные разногласия в возрасте европейских гаплотипов являются следствием малых выборок. Более

протяженные гаплотипы дали другие результаты, и итальянские и греческие гаплотипы были не старше других европейских (см. ниже).

### Индийские и пакистанские гаплотипы

С этими гаплотипами в цитируемой статье – некоторый конфуз. Как авторы отмечают, эти гаплотипы заимствованы из работы (Sengupta et al, 2006), но в последней работе даны 10-маркерные гаплотипы. Авторы же цитируемой работы сняли два маркера у всех гаплотипов, и разместили в своей статье как 8-маркерные. Естественно, ничего хорошего из этого не вышло, поскольку значительная информация потерялась.

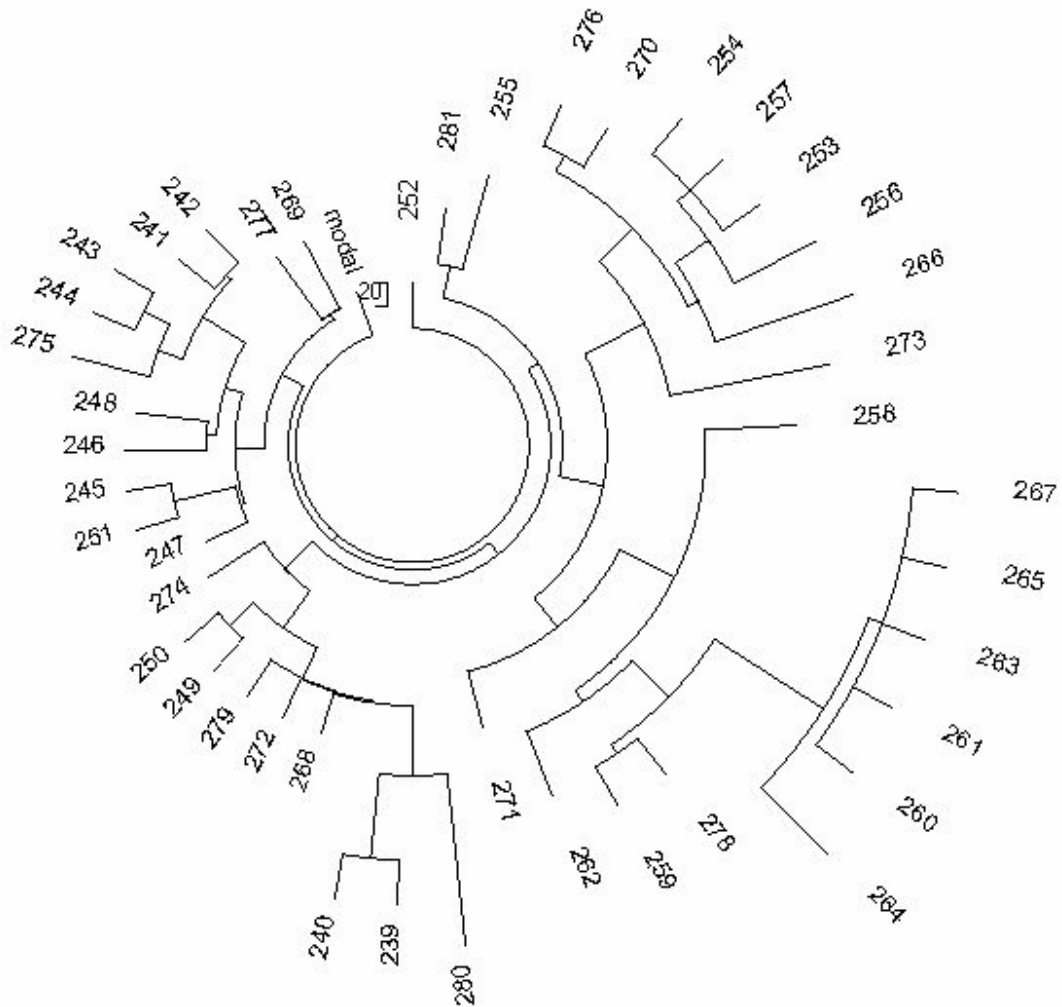
Дерево усеченных 8-маркерных гаплотипов Пакистана выглядит следующим образом (рис. 3). Видны четыре ветви дерева, две слева и две справа. Формальный расчет по всему дереву дал обобщенный базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

то есть такой же, как и европейских гаплотипов. Субклад пакистанских гаплотипов такой же, как и европейских, то есть относительно недавний R1a1. Все 43 гаплотипа имеют 140 мутаций от показанного базового, что дает  $140/43/0.013 = 250 \rightarrow 331$  поколение, то есть 8275 лет до общего предка. Для сравнения, на рис. 4 приведено исходное дерево пакистанских гаплотипов, построенное по 10-маркерным гаплотипам из статьи Sengupta et al (2006). Оно значительно более характерное, с более четко отделенными ветвями дерева, обобщенный базовый гаплотип следующий (в формате DYS 393, 390, 19, 391, X, X, X, 388, 439, 389-1, 392, 389-2 – 461, с константой скорости мутации 0.018 на гаплотип на поколение в 25 лет):

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 -- 9

42 гаплотипа этой серии имеют 158 мутаций, что дает  $158/42/0.018 = 209 \rightarrow 264$  поколения, то есть 6600 лет до общего предка. Видно, что удаление двух маркеров значительно завышает в этом случае время до общего предка, от 6600 до 8275 лет, почти на 20%. В принципе, эта разница находится в пределах погрешности измерений, которые формально дают  $6600 \pm 840$  лет и  $8275 \pm 1080$  лет, да и общий предок все равно фантомный, поскольку вычислен без разрешения ветвей деревьев.



**Рис. 3. Дерево из 43 8-маркерных пакистанских гаплотипов гаплогруппы R1a1. Построено по данным Zhong et al (2010), снявшим по два маркера с 10-маркерных гаплотипов, опубликованных ранее в работе (Sengupta et al, 2006).**

В работе (Клёсов, 2009) на 9-маркерных гаплотипах было показано, что общий предок всех четырех ветвей дерева на рис. 4 жил примерно 12400 лет назад.



Рис. 4. Дерево из 42 10-маркерных пакистанских гаплотипов гаплогруппы R1a1. Построено по данным Sengupta et al. (2006).

Пересчитаем эти данные для 10-маркерных деревьев гаплотипов. Ветвь из 8 гаплотипов слева вверху имеет базовый гаплотип (в формате DYS 393, 390, 19, 391, X, X, X, 388, 439, 389-1, 392, 389-2 - 461)

14 25 16 11 X X X 12 11 12 11 17 -- 9

восемь мутаций от которого дают  $8/8/0.018 = 56 \rightarrow 60$  поколений, то есть 1500±550 лет до общего предка.

Верхняя ветвь справа из 12 гаплотипов имеет базовый

13 24 17 11 X X X 12 10 13 11 17 -- 9

который на 5 мутаций отличается от предыдущего, что для 10-маркерных гаплотипов разводит их общих предков на  $5/0.018 = 278 \rightarrow 382$  поколения, или 9550 лет. 19 мутаций на 12 гаплотипов дает  $19/12/0.018 = 88 \rightarrow 97$  поколений, или  $2425 \pm 610$  лет до общего предка. С учетом временной разницы между общими предками двух данных ветвей, ИХ общий предок жил примерно 6700 лет назад. То есть из двух приведенных ветвей одна явно не должна быть «индоевропейской», или, точнее, «европейской». Это скорее всего ветвь слева вверху, с базовым гаплотипом

14 25 16 11 X X X 12 11 12 11 17 -- 9

У нее необычная аллель DYS393 = 14, и DYS389-2 равен 29, в то время как он у европейских обычно 30 (хотя у центрально-европейской и западно-карпатской ветви тоже 29, но это скорее исключения), у индийских «индоевропейских» 31, у среднеазиатских 32. DYS439 у европейских ветвей тоже в подавляющем количестве равно 10, а не 11, как у древней пакистанской ветви (только у центрально-европейской, западно-евразийской и западно-карпатской ветвей эта величина равна 11). Хотя тот факт, что данная пакистанская ветвь молодая, и появилась всего в 1-м тысячелетии нашей эры, возможно, пройдя бутылочное горлышко популяции, мог изменить базовый гаплотип в любую сторону.

Нижняя ветвь на рис. 4 составная, и содержит совсем молодую подветвь из пяти гаплотипов с базовым

12 24 15 10 X X X 12 11 14 11 18 -- 10

Она чрезвычайно удалена (на 8 и 9 мутаций) от остальных двух ветвей, и содержит всего одну мутацию на все 50 аллелей, что дает примерно 11 поколений, или  $275 \pm 275$  лет до общего предка. Все три ветви имеют общего предка, который жил примерно 7800 лет назад.

Наконец, четвертая ветвь из 15 гаплотипов с базовым

13 25 16 10 X X X 12 10 13 11 18 -- 9

содержит 39 мутаций, что дает  $39/15/0.018 = 144 \rightarrow 168$  поколений, или  $4200 \pm 790$  лет до общего предка. Эта ветвь похожа на обычную индийскую «индоевропейскую» как по виду базового гаплотипа, так и по хронологии.

Все четыре базовых гаплотипа

14 25 16 11 X X X 12 11 12 11 17 -- 9  
13 24 17 11 X X X 12 10 13 11 17 -- 9  
12 24 15 10 X X X 12 11 14 11 18 -- 10  
13 25 16 10 X X X 12 10 13 11 18 -- 9

содержат 15 мутаций от базового, который не разрешен в четырех аллелях

13 - 24/25 - 16 - 10/11 - 12 - 10/11 - 13 - 11 - 17/18 - 9

и, скорее всего, отклоняется от «индоевропейского» в нескольких из них. Общие предки с указанными базовыми гаплотипами расходятся на 208 → 262 поколения, то есть на 6550 лет, плюс их средняя удаленность от настоящего времени на 2100 лет, что суммарно дает 8650 лет до ИХ общего предка.

Это и есть откорректированная величина по сравнению с предварительной 12400 лет, полученной ранее для 9-маркерных пакистанских гаплотипов.

Как видно, разделение гаплотипов пакистанской серии на ветви действительно дало некоторое удревление общего предка, от 158/42/0.018 = 209 → 264 поколения, то есть от 6600 лет до общего предка, до 8650 лет. Это, понятно, не в 3 раза, что обычно получается по «методу Животовского», а на треть (31%), но тем не менее удревление. 43 пакистанских гаплотипа в 8-маркерном формате дали 140 мутаций от базового гаплотипа

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

что привело к величине 8275 лет до общего предка, близко к уточненной. Такой же подход к 110 индийским гаплотипам дал обобщенный базовый гаплотип

13 25 15 10 X X X 12 X 13 11 17

и 316 мутаций от него, что дало  $316/110/0.013 = 221 \rightarrow 282$  поколения, то есть примерно 7050 лет до общего предка. Как показано в статье (Клёсов, 2009), индийские гаплотипы в статье Сенгупты, использованные в обсуждаемой здесь статье, представляют за редким исключением «индоевропейские» гаплотипы, с вкраплениями древних гаплотипов. Видно, что эти вкрапления удревняют «фантомного» общего предка, приближая его по возрасту к пакистанскому. Их обобщенные базовые гаплотипы отличаются всего на две мутации.



13 25 17 9 X X X X X 14 X 18

что дает  $7125 \pm 950$  лет до общего предка (Клэсов, 2009). От приведенного выше обобщенного базового гаплотипа по данным Сенгупты он отличается на 5 мутаций на 6 маркерах (отсутствуют два самых медленных маркера, DYS388 и DYS392), что разводит их «обобщенных» общих предков примерно на  $5/0.013 = 385 \rightarrow 609$  поколений, то есть 15225 лет, и помещает IX общего предка примерно на 14700 лет назад.

Все эти приблизительные расчеты показывают одно – что общий предок индийских и пакистанских гаплотипов жил 10-15 тысяч лет назад, и даже тогда эти предки относились к субкладу R1a1 (без звездочки), по сравнению с более древним предковым гаплотипом уйгуров и других алтайцев субклада R1a1\*. Это и показывает направление миграций древних R1a1\* и затем R1a1 на запад, с прибытием носителей гаплогруппы R1a1 в Европу, примерно 12-10 тысяч лет назад.

Не исключено, конечно, что общий предок с возрастом 12-10 тысяч лет назад был «принесен» в Европу из Азии – из Малой Азии, Ирана или Индии-Пакистана, но таких данных у нас пока нет. Если он был принесен те же 12-10 тысяч лет назад, то это и есть древние европейские гаплотипы гаплогруппы R1a1.

Посмотрим, где еще есть древние гаплотипы, мутированные намного более европейских.

Год назад была опубликована статья Underhill et al. (2009), в которой рассматривались гаплотипы группы R1a1. На рис. 6 приведено дерево 10-маркерных гаплотипов в том же формате DYS 393, 390, 19, 391, X, X, X, 388, 439, 389-1, 392, 389-2 – 461, с константой скорости мутации 0.018 на гаплотип на поколение в 25 лет, который был выше описан для гаплотипов в работе Sengupta et al (2006).

Ряд ветвей и отдельных гаплотипов оказались намного более мутированными, чем остальные, и могут быть идентифицированы на дереве на рис. 6. В целом все дерево содержит 18 базовых гаплотипов

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 – 10

то есть таких же, как и у 8-маркерного дерева с базовым гаплотипом

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17



получая некое усредненное время. В любом случае, полученная величина древнее обычных европейских общих предков, и показывает, что на дереве определенно есть древние гаплотипы и их ветви.

Отметим, что особо древние гаплотипы Греции и Италии, полученные по данным работы Zhong, не подтверждаются. 13 греческих 10-маркерных гаплотипов имеют 26 мутаций от базового гаплотипа

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 - 10

общего для всего дерева, и который точно такой же, как и 8-маркерный базовый гаплотип, показанный выше:

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 17

что в данном случае дает  $26/13/0.018 = 111 \rightarrow 124$  поколения, то есть  $3100 \pm 680$  лет до общего предка.

8 итальянских гаплотипов имеют базовый

13 25 16 10 X X X 12 10 13 11 17/18 -- 10

который несколько отличается от 8-маркерного базового гаплотипа (см. выше)

13 25 16 **11** X X X 12 X 13 11 **17**

и вся серия имеет 12 мутаций, что дает  $12/8/0.018 = 83 \rightarrow 91$  поколение, то есть  $2275 \pm 695$  лет до общего предка. Видимо, завышенные данные для серии в работе Zhong отражают малые выборки, как и было предположено выше.

Наконец, 34 турецких гаплотипа показали базовый гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 -- 10

то есть в точности базовый гаплотип всего дерева. Это – типичный европейский базовый гаплотип (см. также ниже). Действительно, 5 из этих 34 гаплотипов входят в число базовых гаплотипов всего дерева. Все турецкие гаплотипы имели 79 мутаций от показанного базового, что дает  $79/34/0.018 = 129 \rightarrow 148$  поколений, то есть  $3700 \pm 560$  лет до общего предка. Это – типичное время для европейских гаплотипов по совокупности ветвей гаплотипов по регионам.

Естественно, 18 базовых гаплотипов дерева в данном случае не показывают гаплотип общего предка всего дерева, а всего лишь наиболее часто встречающийся гаплотип в выборке. Программа автоматически принимает его за «предковый». Это, действительно, наиболее часто встречающийся европейский гаплотип

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17

и в 12-маркерном формате он соответствует «гаплотипу Русской равнины», или «центральному евразийскому гаплотипу» (в формате FTDNA)

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 17

Это – типичный «индоевропейский» гаплотип, принесенный R1a1 в Индию и Иран с Русской равнины. Таким образом, базовые гаплотипы дерева отражают или этот самый «гаплотип Русской равнины», который был принесен и в Индию, и в Иран, и в Анатолию, и в Европу, а мог быть принесен и из Европы, например, с территории нынешней Германии около 5 тысяч лет назад, или это могут быть случайно совпавшие с ним по виду древние «неиндоевропейские» гаплотипы, точнее, потомки тех гаплотипов. Действительно, по суммарным мутациям и по фантомному «времени до общего предка» (примерно 4575 лет назад) это и есть время предкового «пра-индоевропейского» гаплотипа.

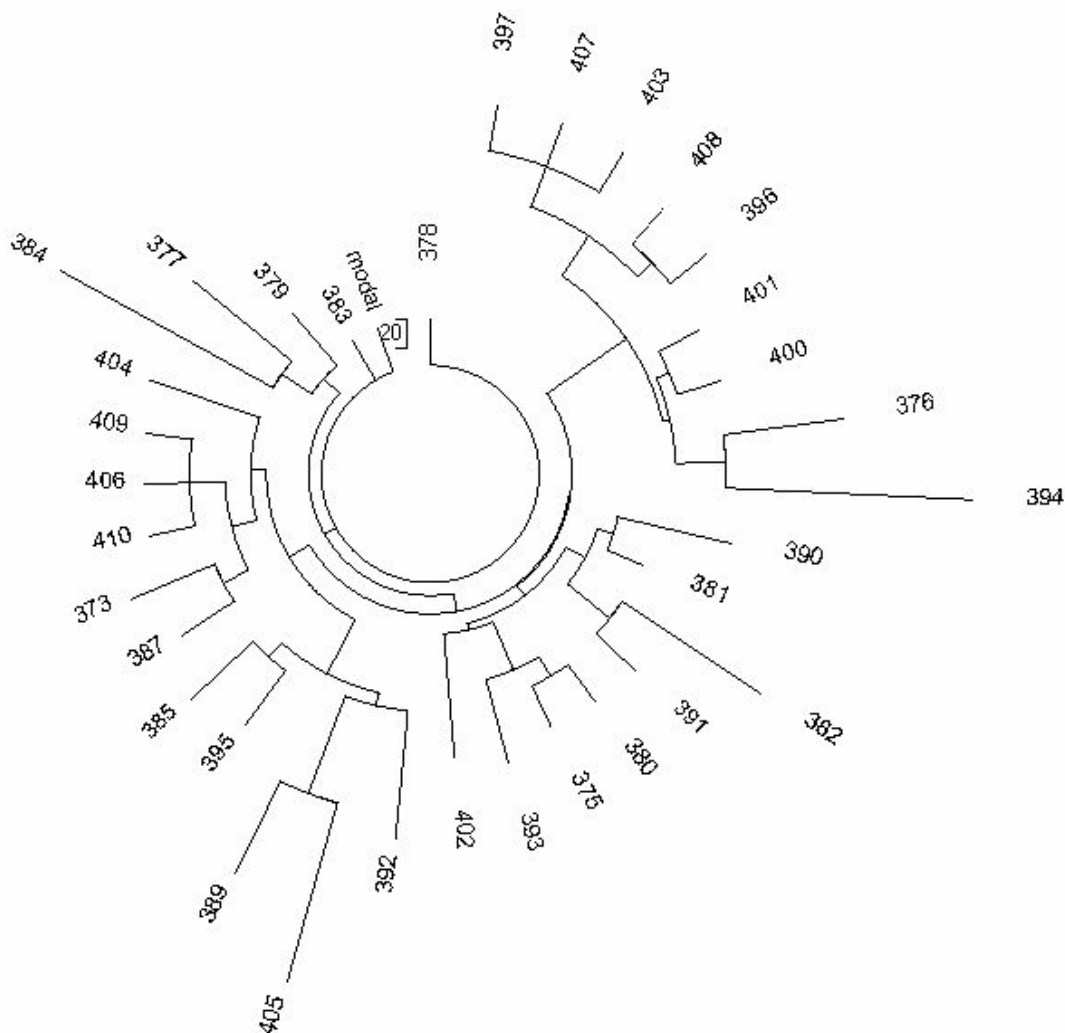
Посмотрим, какие страны встречаются среди 18 базовых гаплотипов дерева. Это – Россия (два гаплотипа), Украина (три гаплотипа), Словакия (три гаплотипа), Турция (5 гаплотипов), Иран (два гаплотипа), Венгрия, Индия, Непал.

Если с первыми 17-ю гаплотипами ситуация в целом ясна, то Непал заслуживает отдельного рассмотрения. Он – на пути древних миграций носителей гаплогруппы R1a1. Можно ожидать, что там имеются два типа R1a1 гаплотипов – «индоевропейские» и более древние. Один из «индоевропейских» и мог попасть в число базовых гаплотипов дерева. А могло быть и простое совпадение по виду мутированного древнего гаплотипа.

Рассмотрим дерево непальских гаплотипов (рис. 7). Видно, что в нем выделяется совершенно отдельная ветвь справа вверху. В целом фантомный базовый гаплотип дерева, рассчитанный по минимизации мутаций

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 18 -- 10

отличается на одну аллель (отмечена) от базового гаплотипа всего дерева (рис. 6). Этот же вид имеют и два базовых гаплотипа непальского дерева (378 и 383, на вершине дерева). Так что уже предположение подтвердилось – единственный непальский гаплотип среди 18 базовых на общем дереве – просто случайная мутация, этот гаплотип (381) на непальском дереве сидит на своей ветви, и к нему мы еще вернемся.



**Рис. 7. Дерево из 33 10-маркерных непальских гаплотипов группы R1a1. Построено по данным Underhill et al (2009). Еще 6 непальских гаплотипов в цитируемой работе были неполными (8- или 9-маркерными), и для построения дерева не использовались.**

Формально, все 33 непальских гаплотипа имеют 99 мутаций от базового гаплотипа выше, что дает  $99/33/0.018 = 167 \rightarrow 200$  поколений, то есть 5000 лет до общего предка. Но мы знаем, что суммарные расчеты часто «омолаживают» общего предка дерева. Проверим это. Ветвь из 9 гаплотипов справа вверху имеет базовый гаплотип

13 25 16 10 X X X 12 12 14 11 18 - 10

с 18 мутациями, что дает  $18/9/0.018 = 111 \rightarrow 124$  поколений, то есть  $3100 \pm 790$  лет до общего предка.

Этот гаплотип отличается на 5 мутаций от «индоевропейского» базового гаплотипа

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 -- 10

что соответствует мутационной разнице в  $278 \rightarrow 382$  поколения (9550 лет), и помещает ИХ общих предков на 8600 лет назад. Это явно не «индоевропейская» ветвь, и напоминает пакистанскую с той же триадой 14-11-18 в DYS389-1, 392, 389-2 и с примерно тем же возрастом до общего предка.

Остальная часть непальского дерева из 24 гаплотипов имеет близкий, опять «неиндоевропейский» базовый гаплотип

13 25 16 **11** X X X 12 **10 13** 11 18 - 10

(отмечены 4 различия в аллелях с предыдущей ветвью), с 61 мутациями, что дает  $61/24/0.018 = 141 \rightarrow 164$  поколения, то есть 4100 лет до общего предка. Однако 4 мутации разницы ( $222 \rightarrow 284$  поколения, то есть 7100 лет разницы) с предыдущей ветвью помещают ИХ общего предка на 7150 лет назад.

Вернемся к «индоевропейскому» по виду гаплотипу 381, который занимает место на малой ветви из восьми «индоевропейских» гаплотипов, с базовым

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 17 - 10

и 13-ю мутациями, что дает  $13/8/0.018 = 90 \rightarrow 99$  поколений, то есть  $2475 \pm 730$  лет до общего предка.

Отделяя эту ветвь от остальных 16 «неиндоевропейских», получаем все ту же «неиндоевропейскую» ветвь с базовым гаплотипом

13 25 16 11 X X X 12 10 13 11 18 - 10

и 37 мутациями, что дает  $37/16/0.018 = 128 \rightarrow 147$  поколений, то есть 3675±710 лет до общего предка. Этот возраст прохождения бутылочного горлышка «неиндоевропейской» популяции подозрительно напоминает время прихода ариев в Индию.

Перечислим особенно «древние» гаплотипы (древние с точки зрения времени жизни их предков по прямой линии, то есть особенно мутированные по сравнению с обычными европейскими гаплотипами). Необычные мутации отмечены:

-- Непал (394) 13 25 **15** 10 X X X 12 **9 14 12 16** - 10  
-- Непал (390) 13 25 16 11 X X X 12 10 13 **13** 17 - 10  
-- Индия (241) 13 **23 15** 10 X X X **13** 10 **12 10** 17 - **11**  
-- Индия (177) **15** 25 **15** 10 X X X 12 10 13 11 **20** - **12**  
-- Индия (146) 13 24 17 11 X X X 12 11 13 **13** 17 - **12**  
-- Индия (174) 13 24 16 10 X X X 12 10 13 **12** 18 - 10  
-- Индия (200) 13 24 **15** 10 X X X 12 10 **14 12** 17 - 10  
-- Пакистан (428) **12** 24 **15** 10 X X X 12 11 **14** 11 **19** - **11**  
-- Пакистан (451) 13 25 17 10 X X X 12 10 **14 12** 18 - 10  
-- Иран (270) **14 26 15 12** X X X 12 10 13 11 16 - **11**  
-- ОАЭ (642) **14 26 15** 11 X X X 12 10 13 11 16 - **9**  
-- Оман (415) 13 **23** 16 **12** X X X 12 10 13 11 18 - 10  
-- Центр. Азия (33) 13 24 17 11 X X X 12 10 13 **12** 17 - 10  
-- Киргизстан (364) 13 25 16 10 X X X 12 10 13 **12** 17 - 10  
-- Украина (664) 13 25 17 11 X X X 12 11 13 **12** 18 - **11**  
-- Египет (64) 13 24 **15** 11 X X X 12 **12** 13 **13** 16 - **11**  
-- Египет (66) 13 24 **15** 11 X X X 12 **12 14 13** 17 - **11**  
-- Пакистан (427, 429, 438, 467, 468)  
**12** 24 **15** 10 X X X 12 11 **14** 11 18 - **11**  
-- Индия (236, 237, 239)  
**12** 24 **15** 10 X X X **13** 11 **14** 11 17 - 10  
-- Оман (418, 420, 421)  
**14** 25 16 10 X X X 12 11 **12** 11 16 - **9**

Как видно, из двадцати примеров необычных мутаций (из 638 гаплотипов, то есть примерно 3%) более половины приходятся на Индию, Пакистан и Непал, и почти все остальные – на Среднюю Азию, Иран, Ближний Восток и Египет. Это, возможно, и есть следы древних миграций носителей гаплогруппы R1a1. Интересно, что в статье Underhill et al (2009) было выявлено всего несколько гаплотипов гаплогруппы R1a\*-M420, и это гаплотипы именно из Омана (один гаплотип), Ирана (два гаплотипа), ОАЭ

(один гаплотип), и Турция (три гаплотипа). Кроме турецких гаплотипов (которые в статье не приведены), все остальные регионы – это те, которые указаны в списке выше.

### **Заключение.**

После рассмотрения сотен гаплотипов гаплогруппы R1a1 цитируемой работы, приведенная выше концепция относительно происхождения и миграций гаплогруппы практически не претерпела изменений. Ее прочтение на сегодняшний день выглядит следующим образом:

*Гаплогруппа R1a1, как и родственная ей R1b1, вышла из Южной Сибири или сопряженных территорий (Алтай, северный Китай). Обе гаплогруппы – антропологически европеоидные, и их прямые предки, носители гаплогруппы P, прибыли в район Алтая примерно 50-45 тысяч лет назад с Восточно-Европейской равнины. Гаплогруппа P разошлась (как путем соответствующих мутаций-сипов, так и физически, по родам и территориям) на последующие гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали в сторону Америки еще 46 тысяч лет назад (по данным радиоуглеродного анализа), и это является реперной датой в отношении расхождения гаплогруппы P в Южной Сибири.*

*Гаплогруппа R1a образовалась примерно 21 тысячу лет назад в районе Алтая или Киргизии (регион, непосредственно примыкающий к Алтаю), ее носители предположительно прошли через территории (современных) Непала, Пакистана и Индии (время общего предка датируется примерно 8700 лет назад), причем необязательно последовательно, так как все три указанные территории примыкают к алтайскому и сопредельным горным регионам, Афганистану и Иранскому плато, пересекли Малую Азию с востока на запад, и через проливы прошли на Балканы. На этом пути носители гаплогруппы R1a1, возможно, мигрировали также на Аравийский полуостров и в Египет, и там сейчас находят их «древние» гаплотипы. Возможно, миграция носителей гаплогруппы R1a1 через Анатолию на запад 11-9 тысяч лет назад привела к появлению там пра-индоевропейского языка, который и был в итоге принесен в Европу, на Балканы. Таким образом, «прародиной» ИЕ языков могла быть все обширная территория от Индии до Балкан.*

*«Древнейшие» балканские гаплотипы R1a1 имеют общего предка, жившего 11,600±1,600 лет назад. Примерно 6 тысяч лет назад носители гаплогруппы R1a1 начали активное расселение по Европе, что привело к разделению пра-ИЕ языка на ветви, и около 5 тысяч лет назад R1a1 вышли на Русскую равнину. Общий предок гаплотипов R1a1 Русской равнины жил примерно 4800 лет назад.*

*За несколько столетий будущие арии (гаплогруппа R1a1) заселили территорию от Балтики до Кавказа, перешли через Кавказские горы (или прошли вдоль*

побережья) в Анатолию (4200-3600 лет назад) и прилегающие территории, продвинулись на восток до Средней Азии и южного Урала примерно 4000 лет назад, на южном Урале основали металлургические центры («страна городов») 4000-3600 лет назад, прошли в Зауралье (ископаемые останки R1a1 датируются 3800-3400 лет назад) и далее до Алтая и Северного Китая, и примерно 3500 лет назад передвинулись на Индостан и Иранское плато. Общие предки индийских и иранских гаплотипов жили соответственно 4050 и 4025 лет назад.

Примерно 4500 лет назад гаплотипы R1a1 в подавляющем большинстве исчезли из Европы, в результате или крупного природного катаклизма, или нашествия носителей гаплотипов R1b1 (4800-4500 лет назад). Вместе с ними в значительной степени исчезли и носители гаплогруппы I1. Перезаселение Европы произошло только в середине 1-го тыс. до н.э., и началось не ранее конца 2-го – начала 1-го тысячелетия до н.э. Среди мигрантов того времени были центральноевропейская ветвь, западнославянская ветвь, скандинавская ветвь. Волны переселения R1a1 на запад с Русской равнины продолжались до середины 1-го тысячелетия н.э., включая, видимо, племена R1a1 из Средней Азии и Зауралья, потомков ариев с территориями Андроновской культуры. Часть викингов 9-11 вв тоже составили переселенцы с востока, носители гаплотипов R1a1. Их потомки в составе армии Вильгельма-Завоевателя в 11 веке дополнили передвижение гаплогруппы R1a1 на Британские острова. В настоящее время носителей гаплогруппы R1a1 среди этнических русских составляет до 62%, среди индийских высших каст – до 72%. Гаплотипы многих этнических русских, в особенности принадлежащих центрально-евразийской ветви R1a1, практически неотличимы вплоть до 67-маркерного формата от гаплотипов R1a1 индийцев-«индоевропейцев».

## Литература

Клёсов, А.А. (2009) Древнейшие восточно-азиатские ветви гаплогруппы R1a. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 5, 879-890.

Клёсов, А.А. (2010) Гаплогруппа R1b1 и ее субклады в Азии. Критический разбор статьи “Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route” (Hua Zhong et al, Mol. Biol. Evolution, advance on-line publication, 13 September 2010. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 3, № 10, 1652-1675.

Рожанский, И. и Клёсов, А. (2009). Гаплогруппа R1a1: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, No 6, 974-1099.

Ballantyne, K.N., Goedbloed, M., Fang, R., Schaap, O., Lao, O., Wollstein, A., Choi, Y., van Duijn, K., Vermeulen, M., Brauer, S., Decorte, R., Poetsch, M., von Wurmb-Schwark, N., de Knijff, P., Labuda, D., Vezina, H., Knoblauch, H., Lessig, R., Roewer, L., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2010) Mutability of Y-chromosomal microsatellites: rates, characteristic, molecular bases, and forensic implications. *Am. J. Human Genet.* 7, 341-353.

Chandler, J.F. (2006). Estimating per-locus mutation rates. *J. Genetic Genealogy* 2, 27-33.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. *J. Genetic Genealogy.* 5, 217 - 256.

Klyosov, A.A. (2010) Irish haplotypes and haplogroups. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy* ((ISSN 1942-7484), 3, No. 6, 1029-1053.

Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.-E. T., Lin, A.A., Mitra, M., Sil, S.K., Ramesh, A., Rani, M.V.U., Thakur, C.M., Cavalli-Sforza, L.L., Majumder, P.P., and Underhill, P.A. Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. *Amer. J. Human Genet.* 78, 202-221 (2006)

Underhill PA, Myres NM, Rootsi S, Metspalu M, Zhivotovsky MA, King RJ, Lin AA, Chow CET, Semino O, Battaglia V, Kutuev I, Jarve M, Chaubey G, Ayub Q, Mohyuddin A, Medhi SQ, Sengupta S, Rogaev EI, Khusnutdinova EK, Pshenichnov A, Balanovsky O, Balanovska E, Jeran N, Augustin DH, Baldovic M, Herrera RJ, Thangaraj K, Singh V, Singh L, Majumder P, Rudan P, Primorac D, Villems R, Kivisild T. (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Europ J Human Genet.* online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg. 2009.194.

Zhong, H., Shi, H., Qi, X.-B., Duan, Z.-Y., Tan, P.-P., Jin, L., Su, B., Ma, R.Z. (2010) Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol. Biol. Evolution*, advance on-line publication, 13 September 2010, 29 pp.