

Древнейшие восточно-азиатские ветви гаплогруппы R1a

Анатолий А. Клёсов

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

ВВЕДЕНИЕ

ДНК-генеалогия полна мифов. Мифы обычно появляются там, где данных нет, но очень хочется заполнить пробел. И вот в литературе появляется предположение, некая фантазия, которая после цитирований и пересказываний приобретает статус якобы ЗНАНИЯ. Оснований у этого мифа нет, типа «могло и так быть», но к нему привыкают, его защищают в дискуссиях, как если бы у исходного предположения не было альтернативных объяснений и вариантов.

Мифы живучи. Одним из таких мифов является «украинское происхождение R1a». Там миф даже тройной, и у всех трех его частей – никаких оснований. Первый – что гаплогруппа появилась на Украине. К этому было некое соображение, которое оказалось ошибочным. Первым о нем упомянула, видимо, O. Semino (Semino et al, 2000), которая со ссылкой на неопубликованную работу (Santachiara-Benerecetti, unpublished data) сообщила – «этот сценарий находит поддержку тем, что максимальное разнообразие микросателлитов гаплогруппы Eu19 [R1a1 – АК] найдено на Украине». Мы сейчас знаем, что это не так, и «неопубликованные данные» так и не были опубликованы. А миф остался.

Второй миф – что гаплогруппа R1a появилась 15 тысяч лет назад, хотя никаких данных об этом при выдвигании предположения не было. Вот откуда это возникло. Wells и др. в своей работе (Wells et al, 2001) написали: «(мутация) M17, последующая за M173, видимо, намного моложе, с предположительным возрастом ~ 15 тысяч лет назад». Никаких данных о 15 тысяч лет предоставлено не было. Последующая фраза в этой статье следующая: «Следует заметить, что эта оценка зависит от многих, возможно, неверных допущений о процессах мутаций и структуре популяций». Эта фраза, как мы сейчас знаем, оказалась верна в том отношении, что допущения действительно были неверными, и возраст гаплогруппы на Украине был завышен в три раза.

В своей книге «Deep Ancestry», вышедшей в 2006-м году, через пять лет после той статьи, Спенсер Уэллс пишет: «Примерно между 10 и 15 тысяч лет назад, мужчина европейского происхождения родился на территории современной Украины или южной России. Его потомки-кочевники пронесут генетический маркер M17 через степи на дальние расстояния – до Индии и Исландии». Как видно, новых данных у автора не появилось, но Украина продолжает фигурировать, с дополнением южной России. Дата тоже несколько сместилась. Из последующего в книге становится понятно, почему. Автор постулирует (опять), что курганная археологическая культура – это носители гаплогруппы R1a1 (данных к этому у автора опять же нет), а значит – южная Россия или Украина. Правда, курганной культуры не было 10-15 тысяч лет назад, и непонятно, почему автор продолжает придерживаться этой даты.

Третий миф – что носители R1a1 пережидали в горах Украины – в «украинском убежище» – ледниковый период, опять же между 15 и 12 тысячами лет назад. Никаких данных к этому тоже нет.

Тем не менее, миф живет и процветает. Wiik, в своей статье «Откуда появились европейцы» (Wiik, 2008) называет гаплогруппу R1a1 уже «украинской», и упоминает ее в этом контексте несколько десятков раз (точнее, 37 раз, так что это не преувеличение).

Все эти положения на самом деле неверны. Разнообразие гаплотипов на Украине такое же, как в России или в Польше, и они все укладываются на дерево гаплотипов с общим предком, который жил 4850 ± 500 лет (Клёсов, 2008a; Klyosov, 2009). Ничего необычного в «украинских» гаплотипах R1a1 нет.

СТАРЕЙШИЕ ПРЕДКИ R1a1

Как оказалось, хотя и нуждается в дополнительных подтверждениях, потомки старейших предков гаплогруппы R1a1 живут в настоящее время в Китае. Их общий предок жил примерно 20 тысяч лет тому назад, видимо, в Южной Сибири, где и образовалась, возможно, также и гаплогруппа R1b. Более точных сведений у нас пока нет.

Как это удалось установить? В статье, озаглавленной «Физическая антропология и этничность в Азии: переход от антропометрии к геному» (Bittles et al, 2007), были приведены относительные частоты гаплогрупп, встречающихся у нескольких популяций Китая. Сами гаплотипы не сообщались, но было указано, что гаплогруппа R1a1 встречается у

этнических групп Hui, Bolan, Dongxiang и Sala, с частотами 18, 25, 32 и 22%, соответственно, наряду с гаплогруппами DE, C, F*(xK), O, O3, K*(xO,P) и P*(xR). Среди указанных этнических групп доминирующими гаплогруппами были: C и F*(xK) по 23%; O3 и R1a1 по 25%; R1a1 32%; O3 31%. Как видно, доля R1a1 в этих популяциях весьма заметна.

Первая этническая группа относится к провинции Liaoning на северо-востоке Китая, примыкающей к Корее, остальные три – к провинции Gansu на севере Китая.

Корреспондирующий автор статьи, профессор Alan Bittles, любезно выслал мне следующий список из 31 гаплотипа гаплогруппы R1a1, которая рассматривалась в статье. Датировка гаплогруппы в отношении времени жизни общего предка в статье не проводилась, и этот вопрос был вообще вне интереса авторов, как следовало из статьи. Гаплотипы даны здесь в формате DYS19, 388, 389-1, 389-2, 393:

17 12 13 30 13	14 12 13 30 12	14 12 12 31 13	17 13 13 31 13
14 13 13 32 13	14 12 13 30 13	17 12 13 32 13	17 12 13 30 13
14 12 13 32 13	17 12 13 30 13	17 12 13 31 13	14 12 13 31 13
17 12 12 28 13	14 12 13 30 13	14 12 12 29 13	14 12 12 29 13
17 12 14 31 13	14 12 12 28 13	14 13 14 30 13	14 13 13 29 13
14 12 12 28 12	15 12 13 31 13	15 12 13 31 13	16 12 13 29 13
14 12 14 29 10	14 12 13 31 10	14 12 13 31 10	14 12 14 28 10
14 14 14 30 13	17 14 13 29 10	14 12 13 29 10	

Дерево гаплотипов представлено на рис. 1.

Представленные 31 гаплотип содержат 99 мутаций от базового гаплотипа (в формате FTDNA)

13-X-14-X-X-X-X-12-X-13-X-30

что в среднем дает 0.639 ± 0.085 мутаций на маркер, или 21000 ± 3000 лет до общего предка. Средняя скорость мутаций была рассчитана по данным Чандлера для индивидуальных маркеров (Chandler, 2007), и составила 0.00677 мутаций на гаплотип на поколение, или 0.00135 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2009).

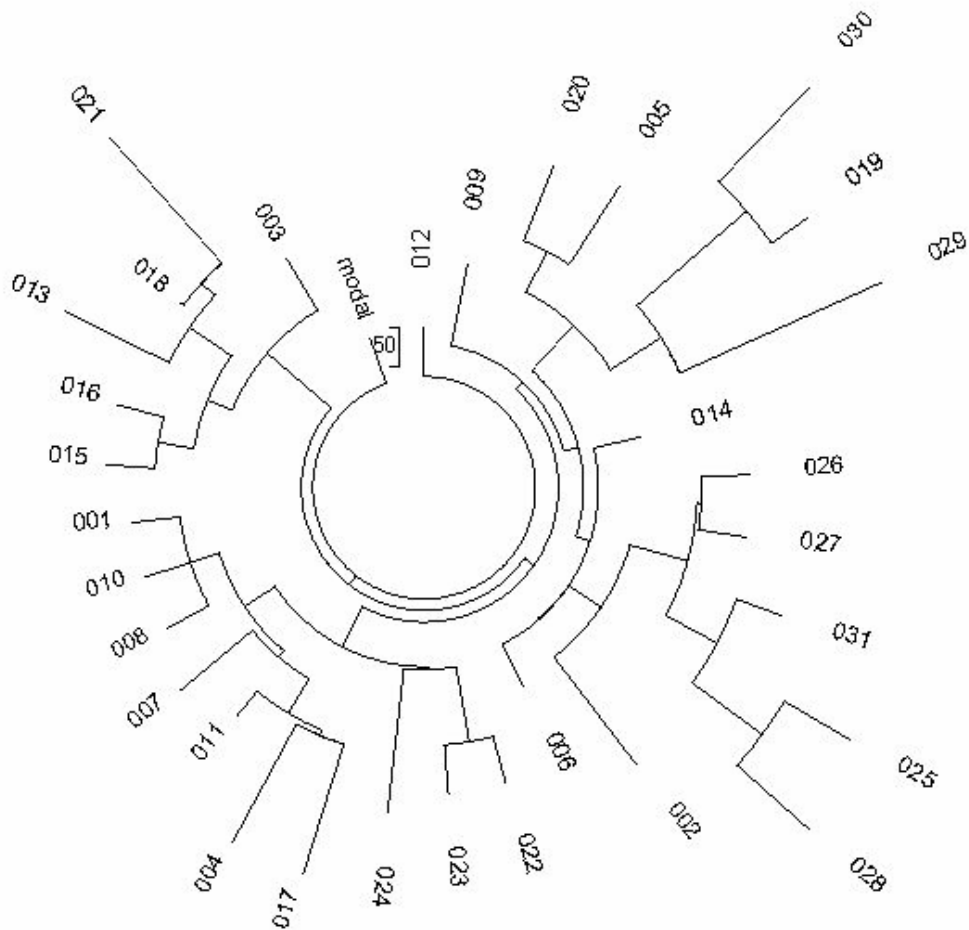


Рис. 1. Дерево 5-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в Китае. Представлены 31 гаплотип, любезно присланные профессором А. Биттлз, и собранные в четырех этнических группах в двух провинциях Китая (см. текст).

Поскольку базовый гаплотип в столь древних гаплотипах определяется с трудом, и определенное количество мутаций может быть неточным, нами был применен пермутационный метод расчета времени жизни общего предка (Адамов и Клёсов, 2008). Для этого метода не требуется базовый гаплотип, и не нужно вносить поправку на возвратные мутации. Для всех 31 гаплотипов сумма квадратов мутационных различий между всеми аллелями каждого маркера попарно была равна 10184. Ее следует разделить на квадрат числа гаплотипов в серии (961), на число маркеров в гаплотипе (5) и на 2, поскольку пермутации считаются симметрично в обоих направлениях. Это дало среднее число мутаций на маркер 1.060, уже с учетом возвратных мутаций. Разделив на 0.00135 мут/маркер/поколение,

получаем, что общий предок всех 31 гаплотипов жил 19625 ± 2800 лет назад. Это – более точная величина, чем рассчитанная выше, по «линейному» методу (21000 ± 3000 лет до общего предка), хотя и совпадает с ней в пределах погрешности расчетов.

Вполне вероятно, что гаплогруппа R1a1 (точнее, новая мутация M17) появилась примерно 20 тысяч лет назад (или ранее) в южной Сибири, и ее носители разделились. Одни мигрировали на запад и дошли до Балкан примерно 12 тысяч лет назад, хотя этот общий предок технически мог относиться к любой части миграционной траектории. Другие носители гаплогруппы R1a1 ушли южнее, в Китай и далее в южную Индию и Пакистан, куда прибыли примерно 12-7 тысяч лет назад, как будет показано ниже. Естественно, эти южно-индийские гаплотипы R1a1 должны принципиально отличаться от «арийских», «индоевропейских» гаплотипов R1a1. Так оно и получилось (см. ниже).

Этот сценарий разрешает кажущееся противоречие между тем, что одни гаплотипы R1a1 в Индии являются практической копией «восточноевропейских» гаплотипов, гаплотипов этнических русских, и показывают возраст до общего предка (4050 ± 500 лет) лишь немного «моложе» последних (4750 ± 500 лет), а другие индийские гаплотипы R1a1 отличаются от европейских и по виду, и по возрасту, и имеют общего предка примерно 7 тысяч лет назад. Это подавалось в статьях индийских и ряда европейских авторов (Kivisild et al, 2003; Sahoo et al, 2006; Sengupta et al, 2006; Thanseem et al, 2006; Fornarino et al, 2009; Sharma et al, 2009) как отрицание прихода ариев в Индию, и как то, что все индийские гаплотипы R1a1 являются автохтонными. Ни то, ни другое неверно.

Приведем конкретные данные. В работе (Thanseem et al, 2006) приведены 46 шестимаркерных гаплотипов R1a1 из трех племен южной Индии, территория Андхра Прадеш, племена Naikpod, Andh, и Pardhan. Соответствующее дерево гаплотипов приведено на рис. 2.

Все 46 гаплотипов имеют 126 мутаций, что дает 0.457 ± 0.050 мутаций на маркер, или 7125 ± 950 лет до общего предка. Средняя скорость мутации для 10-маркерных гаплотипов в формате, использованным в работе (Sengupta et al, 2006), равна 0.0018 мут/маркер/поколение (Klyosov, 2009). Базовый гаплотип в формате FTDNA имеет вид

13-25-17-9-X-X-X-X-X-14-X-32

Он отличается от «индоевропейского» индийского гаплотипа

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30

четырьмя мутациями на шести маркерах, что разделяет их общих предков на 11850 лет, и помещает IX общего предка примерно на $(11850+4050+7125)/2 = 11,500$ лет назад.

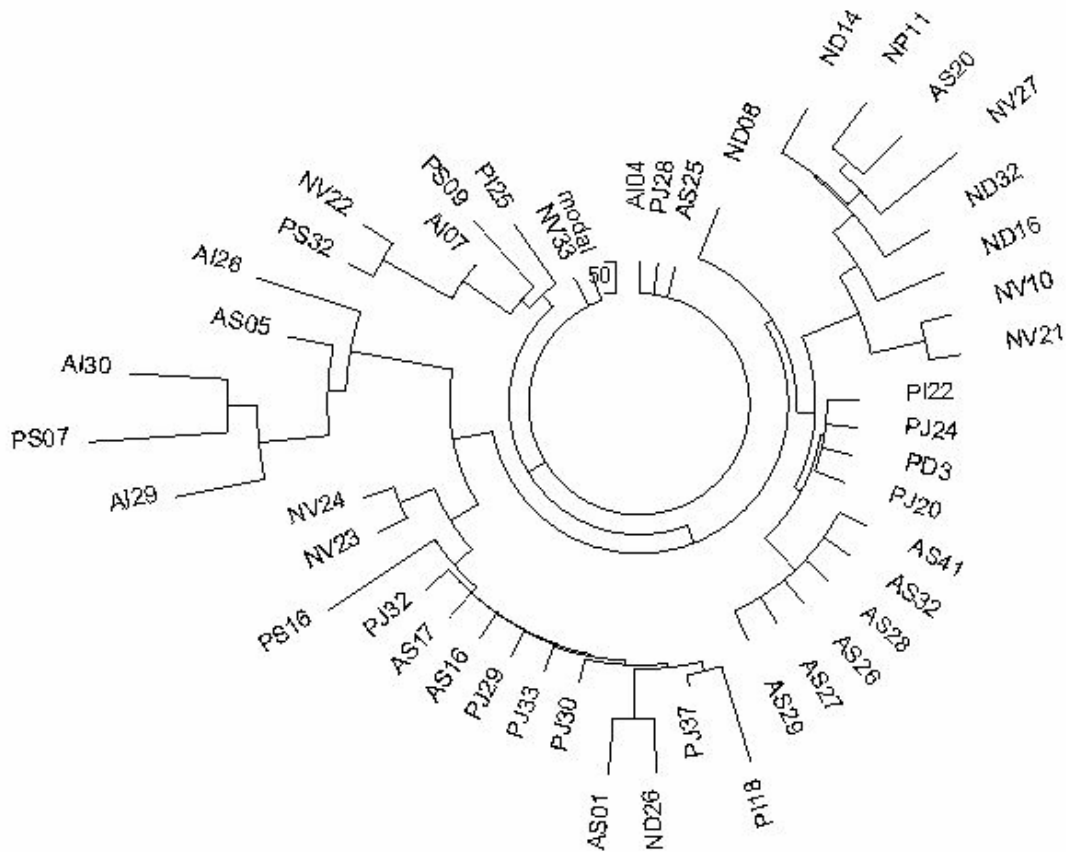


Рис. 2. Дерево 6-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в штате Андхра Прадеш, Индия (племена Naikrod, Andh, и Pardhan), состоящее из 46 гаплотипов, приведенных в статье (Thanseem et al, 2006). Обозначения гаплотипов те же, что даны в цитируемой статье.

Еще одна серия из 110 индийских гаплотипов гаплогруппы R1a1 приведена в работе (Sengupta et al, 2006). Эта серия представляет смешанный набор, полученный из дравидских племен и каст и индо-европейских каст, и можно ожидать, что даст «фантомного» общего предка со «временем жизни» в диапазоне между 4050 лет (время жизни общего предка «индоевропейских» R1a1 в Индии) и 7125 лет. Действительно, вся серия содержит 344 мутации, что дает 0.313 ± 0.019 мутаций на маркер, и 5275 ± 600 лет до «общего предка» всех 110 гаплотипов. Базовый гаплотип выглядит следующим образом:

13-25-15-10-X-X-X-12-10-13-11-30

Он отличается всего на 0.5 мутаций на 9 маркерах от «индоевропейского» индийского гаплотипа (DYS19 = 15.5 в верхнем базовом гаплотипе)

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30

что делает их практически идентичными. Иначе говоря, в выборке Сенгупты преобладают «индоевропейские» гаплотипы как в кастах, так и в племенах. Причины этого подробно обсуждаются в (Клёсов, 2008b; Клюсов, 2009). Дерево гаплотипов этой смешанной группы приведено на рис. 3.

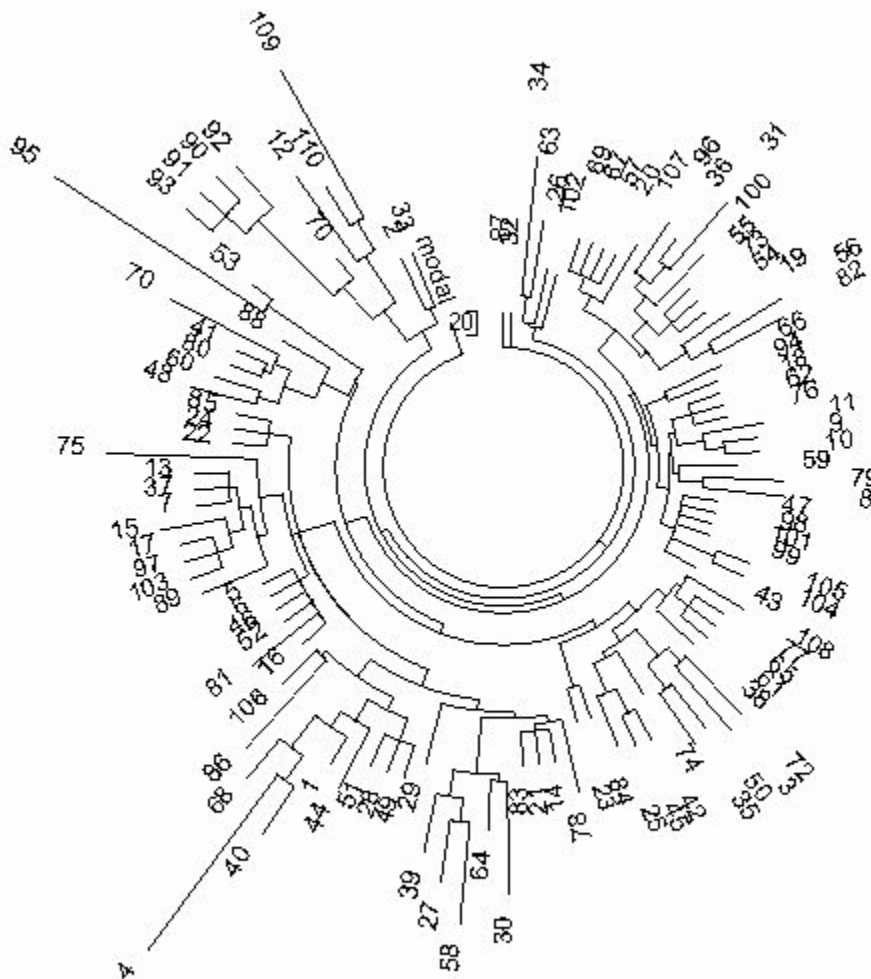


Рис. 3. Смешанное дерево 10-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в индийских племенах и кастах. Список 110 гаплотипов дерева приведен в работе (Sengupta et al, 2006). Статья фактически содержит 114 гаплотипов, но четыре имели пропуски в аллелях.

Для сравнения, рассмотрим серию пакистанских R1a1 гаплотипов, приведенных в той же статье Сенгупты (Sengupta et al, 2006). В ней – 42 гаплотипа, содержащих 166 мутаций, что дает 0.395 ± 0.037 мутаций на маркер, то есть 7025 ± 890 лет до общего предка. Эта величина в пределах погрешности совпадает с 7125 ± 950 , приведенной выше для южноиндийских древних гаплотипов. Базовый гаплотип для пакистанской серии

13-25-17-11-X-X-X-12-10-13-11-30

отличается всего на две мутации на девяти маркерах. Но это гаплотип «фантомный», так как видно, что пакистанское дерево гаплотипов сложное (рис. 4), и содержит как минимум четыре ветви, каждая определенно со своим базовым гаплотипом:

14-25-16-11-X-X-X-12-11-12-11-29	1475±540 лет
13-24-17-11-X-X-X-12-10-13-11-30	2325±570
12-24-15-10-X-X-X-12-11-14-11-32	275±275
13-25-16-10-X-X-X-12-10-13-11-31	4375±800

Справа приведен возраст общих предков для каждой ветви.

Сопоставление с «индоевропейским» индийским базовым гаплотипом

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30

показывает, что последний базовый гаплотип в пакистанской серии и есть «индоевропейский», с отличием всего в долю мутации. Возраст предка тоже совпадает в пределах погрешности расчетов (4375 ± 800 и 4050 ± 500 лет).

Не считая «индоевропейского» предка, общий предок трех пакистанских базовых гаплотипов жил не менее 12 тысяч лет назад. Это можно показать попарным сравнением базовых гаплотипов. Например, первый и третий гаплотип различаются на 9 мутаций на 10 маркерах. Это разводит их предков на 23125 лет, и помещает ИХ общего предка на 12400 лет назад.

Второй и третий гаплотипы различаются на 8 мутаций на 10 маркерах. Это помещает ИХ общего предка на 10800 лет назад. В любом случае, это значительно древнее, чем гаплотипы R1a1 в Южной Индии. Видимо, это все те же древние южносибирские гаплотипы, носители которых более 10 тысяч лет назад мигрировали в Китай, в Южную Индию, и в Европу. Предковый китайский гаплотип имеет характерную аллель DYS19=14,

которая почти не встречается в Европе.



Рис. 4. Дерево 10-маркерных пакистанских гаплотипов гаплогруппы R1a1. Список 42 гаплотипов, использованных для построения дерева, приведен в работе (Sengupta et al, 2006).

Наконец, кратко рассмотрим серию из 10 среднеазиатских гаплотипов R1a1, приведенную в той же статье (Sengupta et al, 2006). Они содержат только 25 мутаций, что дает 0.250 ± 0.056 мутаций на маркер, и 4050 ± 900 лет до общего предка. Это та же величина, что и для «индоевропейских» индийских гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Таким образом, имеются два древних подразделения гаплотипов гаплогруппы R1a1 – одно на востоке, и одно на западе. Восточные гаплотипы происходят от общих предков, живших 20-12 тысяч лет назад, и, видимо, мигрировавших южнее из региона южной Сибири, в Китай и далее

в Южную Индию и Пакистан между 7 и 12 тысяч лет назад. Западные гаплотипы происходят в своем большинстве от общего предка, жившего около пяти тысяч лет назад, но некоторые восходят к общему предку, жившему около 12 тысяч лет назад (Клёсов, 2008с). Около 5 тысяч лет назад имела место обратная миграция носителей гаплогруппы R1a1 с запада на восток, которая принесла гаплотипы с общим предком примерно 4 тысячи лет назад обратно в Сибирь, на территорию андроновской археологической культуры, в Среднюю Азию и далее в Индию, уже как «индоевропейские» гаплотипы гаплогруппы R1a1, практически неотличимые от гаплотипов современных этнических русских.

Так в Индии встретились два потока гаплотипов R1a1, имеющих разную историю, и различающихся по составу аллелей. Это и породило заблуждения в литературе в отношении отнесения этих гаплотипов, которые были ошибочно приняты за автохтонные индийские гаплотипы.

Резюмируя, датировку и регион происхождения гаплогруппы R1a1 следует отнести к периоду примерно 20 тысяч лет назад, предположительно южная Сибирь. Вероятно, там же произошло образование гаплогруппы R1b, примерно 16 тысяч лет назад (Клёсов, 2008d).

Литература

Адамов, Д.С. и Клёсов, А.А. (2008). Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 1, 855-905.

Клёсов, А.А. (2008а) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №5, 947-957.

Клёсов, А.А. (2008b) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №2, 252-348.

Клёсов, А.А. (2008с) Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Ответ дает ДНК-генеалогия. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1, No. 3, 400-477

Клёсов, А.А. (2008d) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №4, 568-629.

Bittles, A.H., Black, M.L., and Wang, W. (2007). Physical anthropology and ethnicity in Asia: the transition from anthropology to genome-based studies. *J. Physiol. Anthropol.* 26, 77-82.

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

Fornarino, S., Pala, M., Battaglia, V., Maranta, R., Achilli, A., Modiano, G., Torroni, A., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, S.A. (2009) Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the Tharus (Nepal): a reservoir of genetic variation. *BMC Evolutionary Biology* 2009, 9:154.

Kivisild, T., Rootsi, S., Metspalu, M., Mastana, S., Kaldma, K., Parik, J., Metspalu, E., Adojaan, M., Tolk, H.-V., Stepanov, V., et al. (2003). The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. *Am. J. Hum. Genet.* 72, 313-332.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. *J. Genet. Geneal.*, in the press.

Sahoo, S., Singh, A., Himabindu, G., Banerjee, J., Sitalaximi, T., Gaikwad, S., Trivedi, R., Endicott, P., Kivisild, T., Metspalu, M., et al. (2006). A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 103, 843-848.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., Marcikiae, M., Mika, A., Mika, B., Primorac, D., Santachiara-Benerecetti, A.S., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A. (2000) The genetic legacy of paleolithic *Homo sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290, 1155-1159.

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., et al. (2006). 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.

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. (2009) The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J. Hum. Genet.* 54, 47-55.

Thanseem, I., Thangaraj, K., Chaubey, G., Singh, V.K., Bhaskar, L.V., Reddy, M.B., Reddy, A.G., Singh, L. (2006) Genetic affinities among the lower castes and tribal groups of India: Inference from Y chromosome and mitochondrial DNA. *BMC Genet.* 2006 Aug 7;7(1):42

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A. Evseeva, I., Blue-Smith, L., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalaksmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zallous, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., Bodmer, W.F. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. US* 98, 10244-10249.

Wells, S. Deep Ancestry. Inside the Genographic Project (2006) National Geographic, Washington, DC, 248 p.

Wiik, K. (2008) Where did European men come from? *J. Genet. Geneal.* 4, 35-85.