

## KLIN ID00030

Гаплогруппа/снипы: R1a-Z92

Гаплотип: 13 25 15 11 11-14 12 12 10 13 11 30 15 9-10 11 11 25 14 20 32 12-14-14-16 11 11 19-23 15 15 18 22 35-41 14 11

Регион: Украина, Черниговская область.

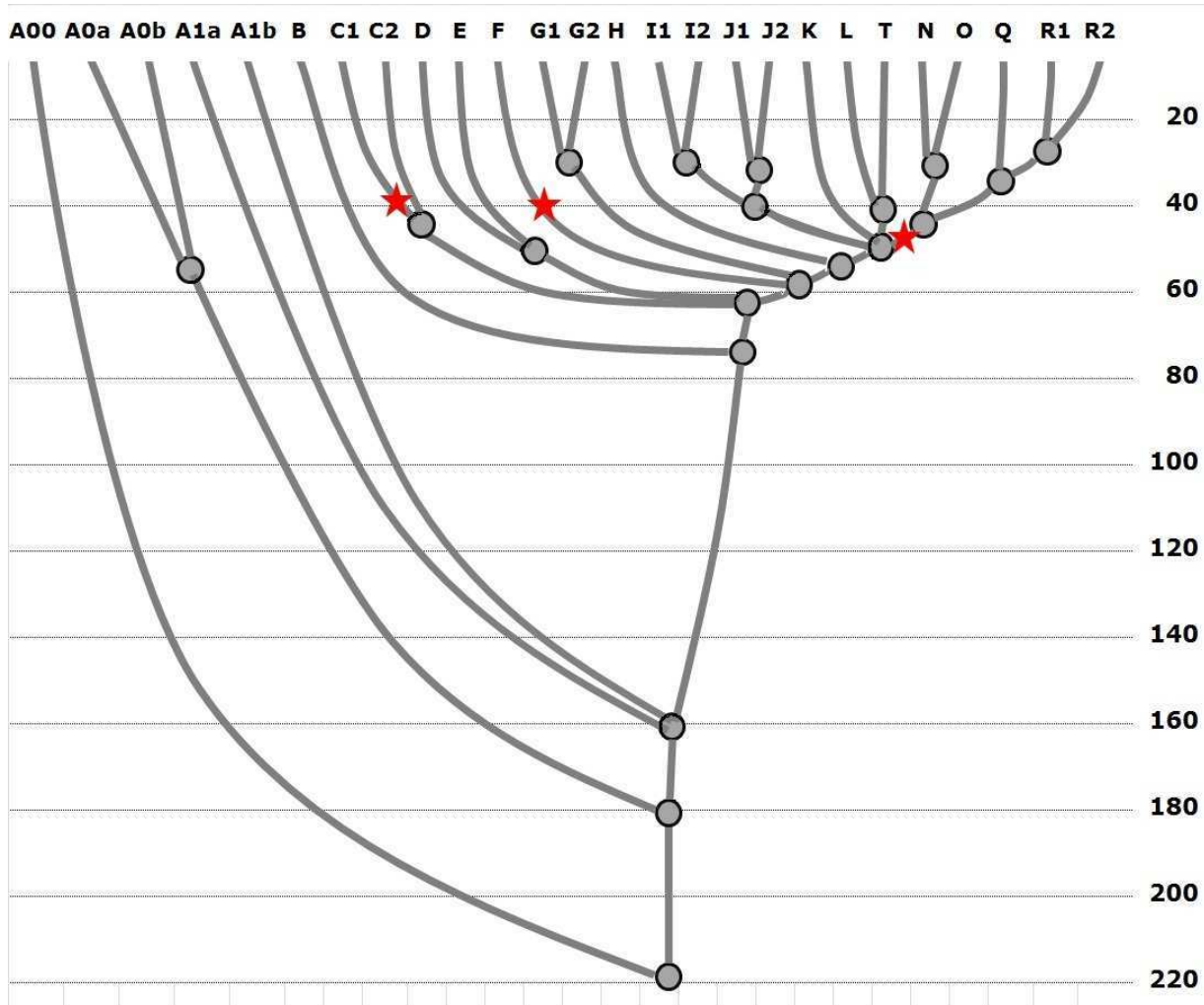
Вы получили результат тестирования Вашей Y-хромосомы, для понимания которого желательно иметь представление о базовых принципах ДНК-генеалогии. Человеку, далекому от биологии, они могут показаться слишком сложными из-за незнакомой терминологии, но, если запомнить всего несколько определений, то ход анализа и выводы из него вполне могут быть доступны тем, кто имеет базовое техническое или гуманитарное образование. Вот их краткое изложение.

### ВВЕДЕНИЕ

Основу метода составляет исследование мутаций в Y-хромосоме как групп людей, так и отдельных индивидуумов. Слово «мутация» на бытовом уровне часто воспринимают как эквивалент уродства, вызванного радиацией, но в биологии мутацией называют любое изменение в генетическом коде живого организма, которое в подавляющем числе случаев происходит без какого-либо внешнего воздействия и никак не отражается на жизнедеятельности. Согласно последним данным, в Y-хромосоме человека в среднем самопроизвольно происходит одна мутация в 20 лет. Как правило, это «опечатка» в главной части хромосомы - очень длинной молекуле ДНК, которая состоит из примерно 59 миллионов структурных блоков (нуклеотидов), обозначаемых для краткости буквами А, С, G и Т. Этими 4-мя буквами записан весь хромосомный текст, превышающий по объему роман «Война и мир» более чем в 23 раза. Лишь около 2% «текста» несут наследственную информацию, остальные 98% - это своего рода балласт, функции которого пока неизвестны. Если в этой «балластной» части у кого-то случайным образом произойдет замена нуклеотида, например, с С на Т, то она никак не отразится на внешности, умственных способностях или здоровье этого человека, равно как и его потомков, которым эта точечная мутация достанется по наследству. Такие мутации, что закрепляются на тысячи и даже миллионы лет, называют сокращенно **снипами**, от английской аббревиатуры SNP (single nucleotide polymorphism). Аналогом снипа в быту можно назвать кольцо, которое орнитологи надевают на лапку птице. Куда бы она ни полетела, оно всегда остается с ней, но никак не сказывается на ее поведении, здоровье или плодовитости.

Второй принципиальный термин – это **гаплогруппа**. Приставка «гапло», указывает на то, что он связан с понятием гаплоидных, то есть половых клеток, со слиянии ядер которых начинается рождение потомства и обмен генетическим материалом. Однако, этот обмен не затрагивает Y-хромосому, которая задает мужской пол ребенка и передается от отца. От матери, у которой она отсутствует, мальчик получает ее X-хромосому. Отсюда следует, что все снипы, накопившиеся в Y-хромосоме по мужской линии за много поколений, остаются у новорожденного мальчика неизменными, и к ним добавляются его собственные. Это позволяет, в идеале, проследить по ним, как по архивным записям, родословную по прямой мужской линии на какое угодно время назад. При массовом тестировании людей из разных стран мира выяснилось, что их можно поделить на большие группы, представители которых имеют один и тот же набор снипов в Y-хромосоме. Их назвали гаплогруппами, и ввели для них буквенные обозначения, которые при необходимости снабжают добавочными численными и буквенными индексами. Было

рассчитано генеалогическое древо известных на сегодняшний день гаплогрупп, которое в упрощенной форме приведено ниже.



*Рисунок 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены места, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Воронежской обл., Румынии и Омской обл., у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времен дана в тысячах лет до настоящего времени.*

Вторым результатом массового тестирования оказалось то, что гаплогруппы неравномерно распределены по разным странам и народам. Если сопоставить географическое распространения разных гаплогрупп с временами, когда они начали расходиться от общего корня, то это дает возможность использовать эти данные в качестве независимого критерия для оценки существующих гипотез о древних миграциях, процессах формирования тех или иных народов, распространения языков, технологических достижений и т.д. Показательный пример такой неоднородности – Европа, по большинству регионов которой имеются репрезентативные данные (рис. 2).



Всего в Y-хромосоме на сегодняшний день найдено более 400 подобных фрагментов, носящих название коротких tandemных повторов, или сокращенно STR (short tandem repeats). Их выделение и анализ технически осуществить намного проще и дешевле, чем делать поиск всех возможных снипов среди 59 миллионов нуклеотидов.

Простота – это важное, но не основное достоинство работы с tandemными повторами. Как оказалось, в них тоже происходят мутации, но другого рода, чем снипы. Время от времени при копировании ДНК фермент «сбивается со счета» и вставляет лишний блок в повторяющийся сегмент или, наоборот, воспроизводит его на один блок короче. Эти мутации случаются, как правило, чаще, чем снипы, и независимо друг от друга в разных сегментах. По законам комбинаторики, при достаточно большом наборе STR для каждого человека можно получить своего рода индивидуальный штрих-код, который присущ только ему и его родственникам. Это свойство еще в 1990-е годы привлекло внимание экспертов-криминалистов, которые отобрали наиболее подходящие для своих задач повторяющиеся сегменты, которые стали называть маркерами. Каждый маркер получил свое обозначение, и в такой нотации громоздкие строки из примера сокращаются до DYS392=11 и DYS438=10, где цифры отмечают число повторов TAT и TTTTC, соответственно. Это позволяет представить список гаплотипов в удобной для работы табличной форме. Ваш гаплотип – это строка из такой таблицы.

Наиболее ценное для ДНК-генеалогии свойство гаплотипов – это возможность выявить среди них родственные группы и рассчитать время, когда жил общий предок той или иной из них. Точность метода в лучших примерах достигает  $\pm 10\%$  в шкале времен от 200 до 5000 лет, что подтверждена, в частности, данными по документальной генеалогии и датировками исторических событий. Существует большой набор компьютерных программ, которые позволяют строить деревья гаплотипов, делить их на ветви, рассчитывать датировки и реконструировать вероятный гаплотип предка, который носит название базового гаплотипа ветви. Как они работают, будет показано на конкретном примере Ваших данных.

## ИНТЕРПРЕТАЦИЯ

В полученной Вами информации от компании Family Tree DNA указано, что Вы принадлежите к гаплогруппе R-Z92, согласно результатам комплексного анализа Z283 SNP Pack. Это помещает Вас в ветвь, которая в нотации базы данных IRAKAZ носит название северной евразийской. Однако проведенный анализ не дает возможности определить, к какой из многочисленных подветвей северной евразийской ветви относится Ваш гаплотип, поскольку Z283 SNP Pack ориентирован в основном на представителей скандинавских ветвей Z284, а не евразийских Z280. Ситуация осложняется тем, что, помимо цепочки Z283>Z282>Z280>Z92, у Вас подтвержден снип YP556, что принадлежит к скандинавскому субкладу Z284.

Чтобы разрешить противоречие и оценить Ваше положение на дереве гаплогруппы R1a, следует привлечь 37 маркерный гаплотип, сравнив его с имеющимися в базе данных IRAKAZ. На настоящий момент в ней собрано более 5000 67- и 111-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a, рассортированных по 47 ветвям. Воспользуемся этой базой данных и постараемся найти ту ветвь, представители которой находятся к Вам ближе, чем остальные. Сравнение со списком почти со 100% вероятностью помещает Вас в ветвь, носящую в IRAKAZ название северной евразийской-2, которую характеризует снип YP569. Ее положение на древе родительской евразийской ветви R1a-Z280 отмечено на рис. 3. Положительный тест на YP556, очевидно, означает, что у кого-то из Ваших не очень давних предков независимо прошла та же самая мутация, что и у скандинавов из



субклада Z284. Поскольку мутации происходят случайным образом, подобные совпадения хотя и редко, но встречаются. В филогении подобные «двойные» снипы принято записывать, как в данном примере, YP556.1 и YP556.2, чтобы не возникало путаницы. Например, снип, задающий шотландскую ветвь субклада R1a-Z284 записывается как L176.1, потому что есть еще L176.2 в гаплогруппе R1b.

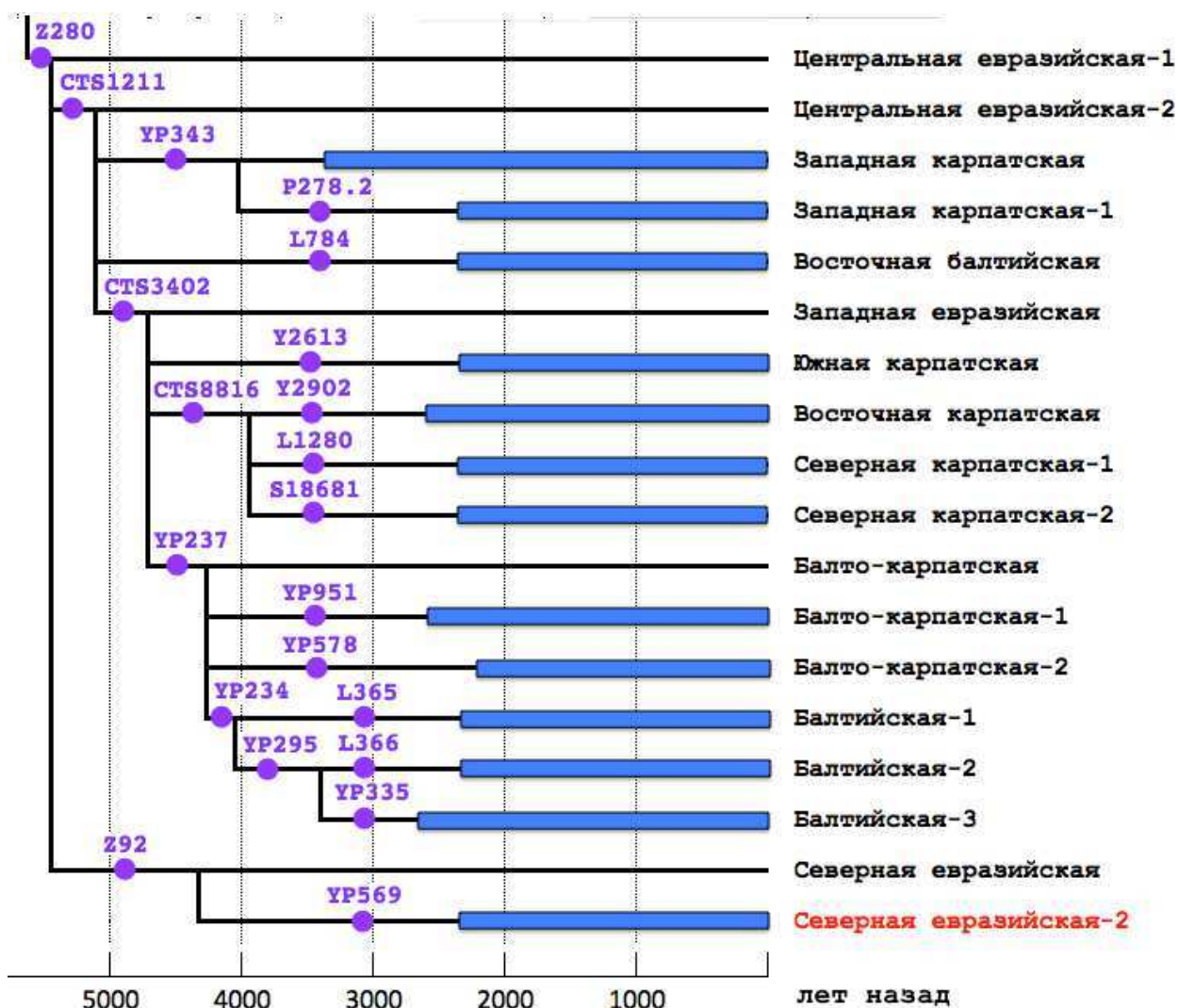


Рисунок 3. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы R1a, с указанием основных снипов (позиция на шкале времен произвольна), датировок ветвления и времен жизни общих предков ныне живущих представителей дочерних ветвей (длина цветных прямоугольников).

Ваша ветвь YP569 является дочерней к северной евразийской ветви, восходящей к предку, жившему  $4300 \pm 500$  лет назад. К настоящему времени среди носителей ветви Z92 найдено несколько дочерних подветвей, наиболее значимые из которых отмечены на дереве 111-маркерных гаплотипов, имеющих в текущей версии базы данных IRAKAZ (рис. 4). Для удобства, на нем звездочками помечены участники, гаплотипы которых находятся от Вашего на дистанции в 10 и 11 мутаций на 37 маркерах.

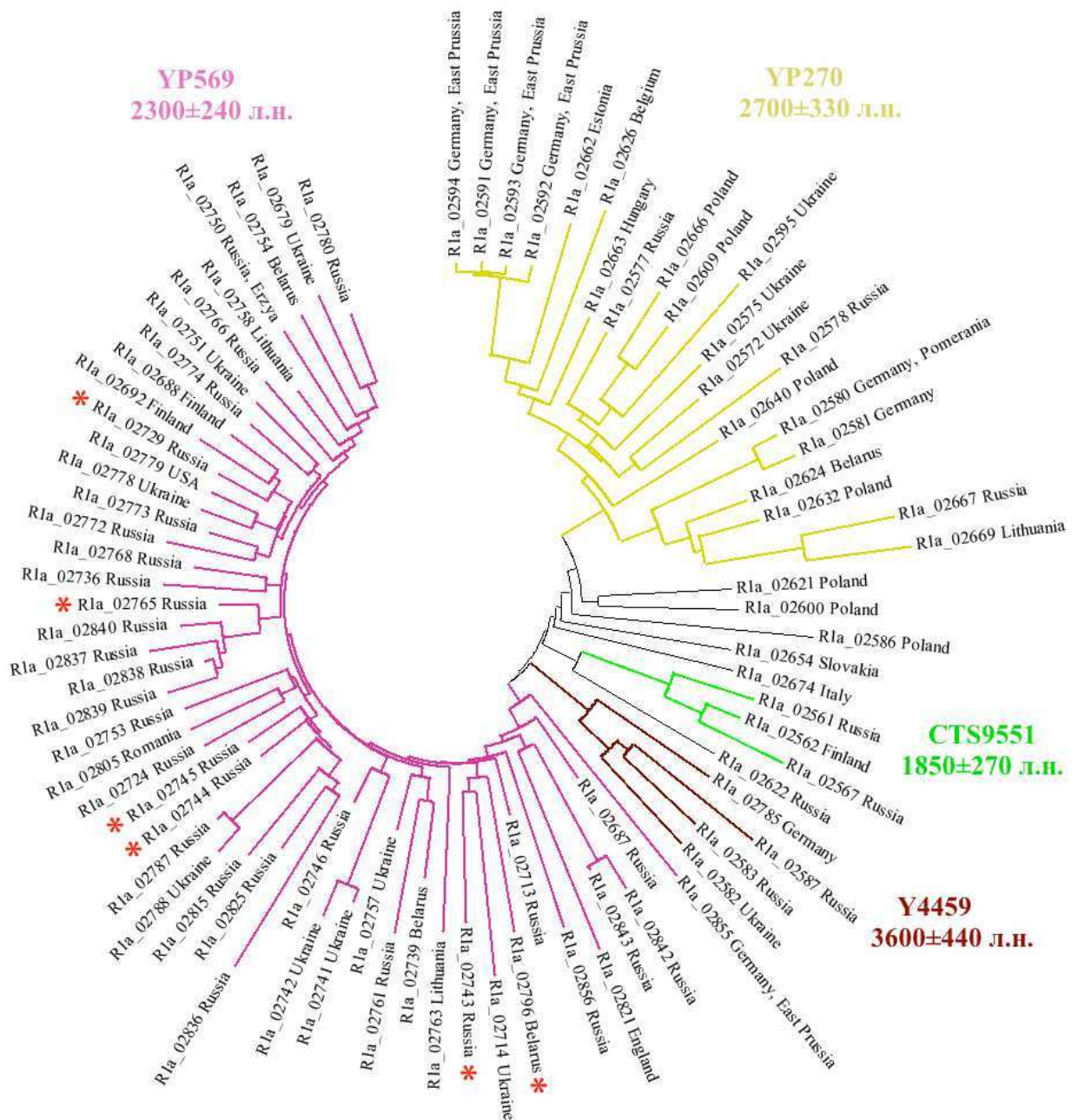


Рисунок 4. Дерево 111-маркерных гаплотипов северной евразийской ветви R1a-Z92. Цветом выделены основные дочерние подветви, и указаны времена жизни их ближайших по времени общих предков. Гаплотипы подписаны порядковыми номерами в базе данных IRAKAZ.

Как можно видеть из диаграммы, ветвь YP569 по своей численности превосходит все остальные подветви северной евразийской ветви, вместе взятые. Она также является одной из основных генеалогических линий восточных славян. По данным с национальных ДНК-проектов, к ней принадлежит каждый десятый русский и белорус, и каждый шестнадцатый украинец. Ваши ближайшие соседи по базе данных IRAKAZ лишь частично группируются друг с другом, что закономерно для такой очень однородной ветви и сравнительно небольшого числа маркеров в заказанном Вами тесте. Можно ожидать, что при дозаказе до 111 маркеров можно будет более точно определить свое место на этом дереве. На данный момент, потенциальными кандидатами в Ваши очень дальние (порядка 1500 лет до общего предка) родственники могут считаться следующие участники: R1a\_02743 Белелюбский, с корнями из-под Рязани (16-й век); R1a\_02744



Яковлев, Воронежская обл.; R1a\_02744 Кудрин, Кострома; R1a\_02796 Коношенок, Витебская обл. (19-й век); R1a\_02729 Мистюков, без информации о предке; R1a\_02765 Цыцаркин, Рязанская обл. а также не представленный на диаграмме R1a\_05298 Григорьев из Чувашии с 67-маркерным гаплотипом, отстоящим от Вас на 7 мутаций.. Более подробную информацию о них, а также о других представителях северной евразийской ветви можно найти на карте, составленная по материалам из базы данных IRAKAZ, что находится по ссылке

[https://www.google.com/maps/d/edit?mid=zCFuZT9R8rxg.kMX9UHiC\\_AJ4&usp=sharing](https://www.google.com/maps/d/edit?mid=zCFuZT9R8rxg.kMX9UHiC_AJ4&usp=sharing)

, а также на рис. 5. Ветвь YP569, к которой Вы принадлежите, обозначена розовыми метками.



Рисунок 5. Места рождения самых ранних предков по мужской линии участников ДНК-проектов из северной евразийской ветви.

Как можно заключить из дерева евразийского субклада Z280 (рис. 3) и карты северной евразийской ветви Z92 (рис. 5), последняя рано (5200-5400 лет назад) выделилась из родительской ветви, но вплоть до последних веков до н.э. ее представители, видимо, занимали довольно компактный ареал к востоку и юго-востоку от Балтийского моря.

Римский историк Корнелий Тацит, в своем труде «Германия», написанном в конце I века н.э., писал о племени эстиев (Aestii, не путать с современными эстонцами), живших там же, «обычаи и облик которых такие же, как у свебов, а язык - ближе к британскому» (Тац., Герм., гл. 45, пер. А.С. Бобовича), и бывших в то время монополистами в сборе высоко ценимого в античном мире янтаря. Входили ли загадочные эстии в круг народов, среди которых преобладала северная евразийская ветвь R1a-Z92, пока неизвестно, но быстрый прогресс в расшифровке ископаемой ДНК позволяет надеяться, что ответ вскоре будет найден. Во времена Тацита, или незадолго до них, началось формирование и быстрый рост современных славянских и балтских народов, в состав которых влились древние обитатели Восточной Прибалтики.

Самой успешной в демографическом плане линией среди них оказалась Ваша YP569, вошедшая в состав нескольких восточнославянских племен и заселившая за короткое время большие пространства к востоку, но мало продвинувшаяся к югу и к западу от своей исконной территории. Великий русский поэт А.С. Пушкин, путешественник Н.М. Пржевальский и польский военачальник Я.К. Ходкевич, воевавший с Мининым и Пожарским, принадлежали к этой же ветви, как показал анализ ДНК их потомков и дальних родственников. Их старинные рода берут начало в северной части Великого Княжества Литовского, что косвенно указывает на место, откуда началось распространение ветви L569. Не противоречит этой версии и то, что северная евразийская-2 ветвь часто встречается на юго-востоке Украины и юге России. Начиная с конца 16-го века, на этих тогда еще беспокойных землях селились переселенцы из пограничья с Великим Княжеством Литовским, хорошо знакомые с военным делом. Черниговская область граничит с Белоруссией, с территории которой, по-видимому, началось расселение ветви YP569, а потому можно предположить, что Ваш род жил на этой земле с очень давних времен, еще до образования Киевской Руси. Нельзя также исключить и относительно недавнее переселение из Белоруссии или Смоленщины, но здесь необходимо привлекать документальную генеалогию.