

KLIN ID00047

Гаплогруппа/снипы: R1b-M269

Гаплотип: 12 24 14 12 11-14 12 12 12 13 13 30 16 9-10 11 11 25 14 19 29 14-14-15-17 11 11 19-23 15 16 19 17 37-37 12 12 11 9 15-16 8 10 10 8 10 9 12 23-23 16 10 12 12 17 8 11 23 20 14 13 11 13 12 11 12 12

Регион: Мелех, имя неизвестно, 1510 г., мусульманин, свежий переселенец «из-за Волги»; деревня Мелеховичи (не сохранилась, ныне пригород Вильнюса), Троицкий уезд, Великое княжество Литовское (Литва).

В своих вопросах к специалистам Академии ДНК-генеалогии Вы интересуетесь, даст ли анализ Вашего гаплотипа возможность (а) определить «наличие Вашей гаплогруппы у племен бассейна Волги и восточнее до середины 15 века», (б) оценить «вероятность принадлежности к ногаям, хушинам, одному из племен хазарского каганата» и (в) «выйти на что-то другое». Имеет смысл начать с «чего-то другого».

ВВЕДЕНИЕ

Основу метода ДНК-генеалогии 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.

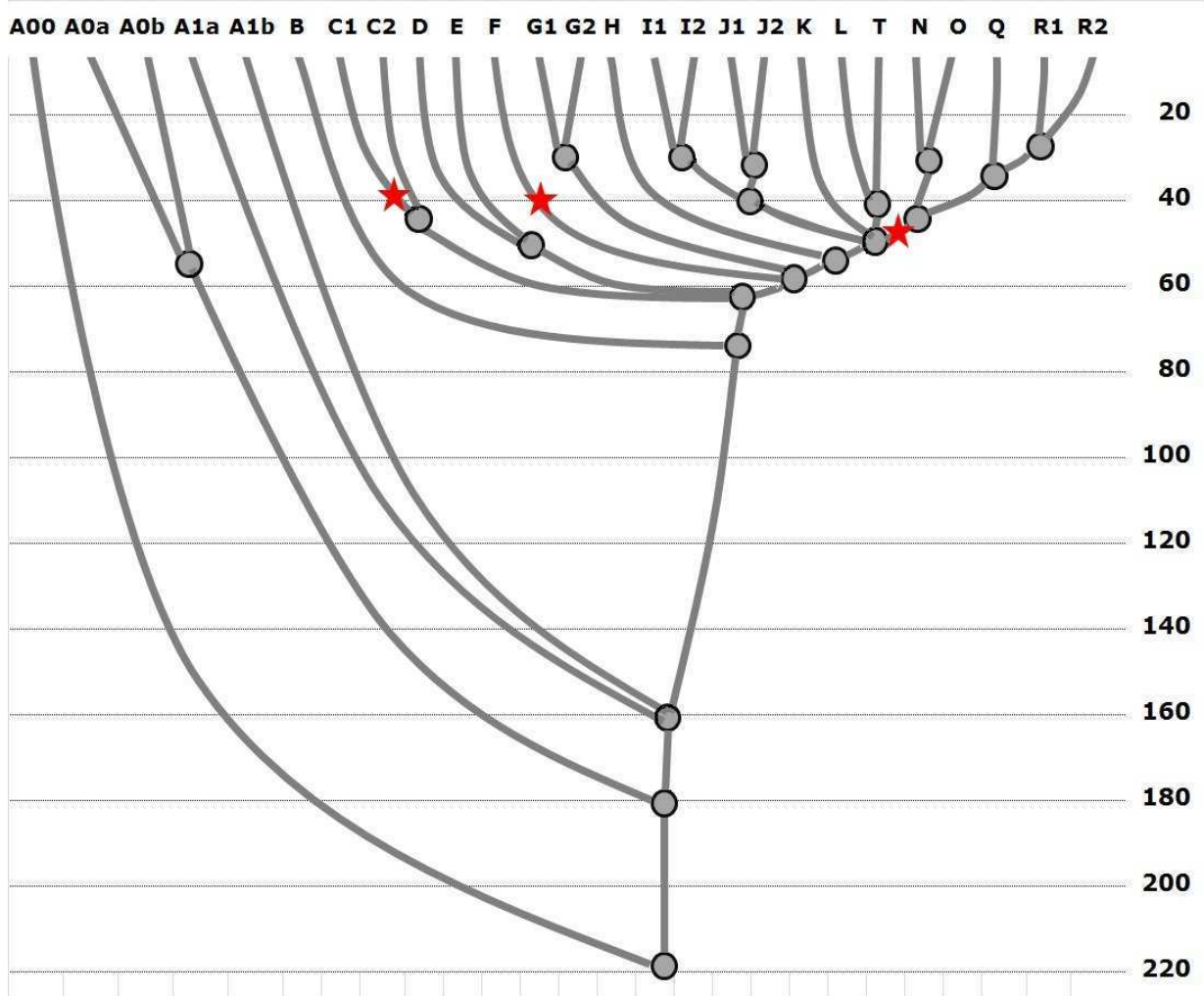


Рисунок 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены места, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Воронежской обл., Румынии и Омской обл., у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времен дана в тысячах лет до настоящего времени.

Вторым результатом массового тестирования оказалось то, что гаплогруппы неравномерно распределены по разным странам и народам. Если сопоставить географическое распространение разных гаплогрупп со 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).

Простота – это важное, но не основное достоинство работы с тандемными 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-M269. Снип в этом анализе не определяли, и отнесение было сделано по гаплотипу в 67-маркерном формате с помощью компьютерной программы, так называемого предиктора (от английского *to predict* – предсказывать, предугадывать). Предсказанный для Вас снип M269, однако, мало информативен, потому что он характеризует абсолютное большинство современных носителей гаплогруппы R1b1a2, в которой выявлено уже несколько сот ветвей различного иерархического уровня, в основном среди жителей Западной Европы. Общее представление о географии гаплогруппы R1b можно получить из гаплогарты, размещенной на сайте Академии ДНК-генеалогии по адресу <http://dna-academy.ru/haplomaps/>

Чтобы оценить, к какому из основных субкладов принадлежит Ваш гаплотип, следует его сравнить с другими, отнесение которых известно. Оценка показывает, что, вероятнее всего, Вы попадаете в субклад Z2103, который можно считать специфическим для Анатолии и Закавказья, но ареал которого охватывает также Восточную Европу и Восточное Средиземноморье, а в восточном направлении доходит до среднего течения Хуанхэ. На гаплогарте субклад Z2103 входит в группу рано отошедших и редких для Европы ветвей, обозначенных желтым цветом. Основные ветви гаплогруппы R1b указаны на приведенной ниже схеме (рис. 3), на которой также помечено положение образцов ископаемой ДНК из захоронений на территории Самарской области.

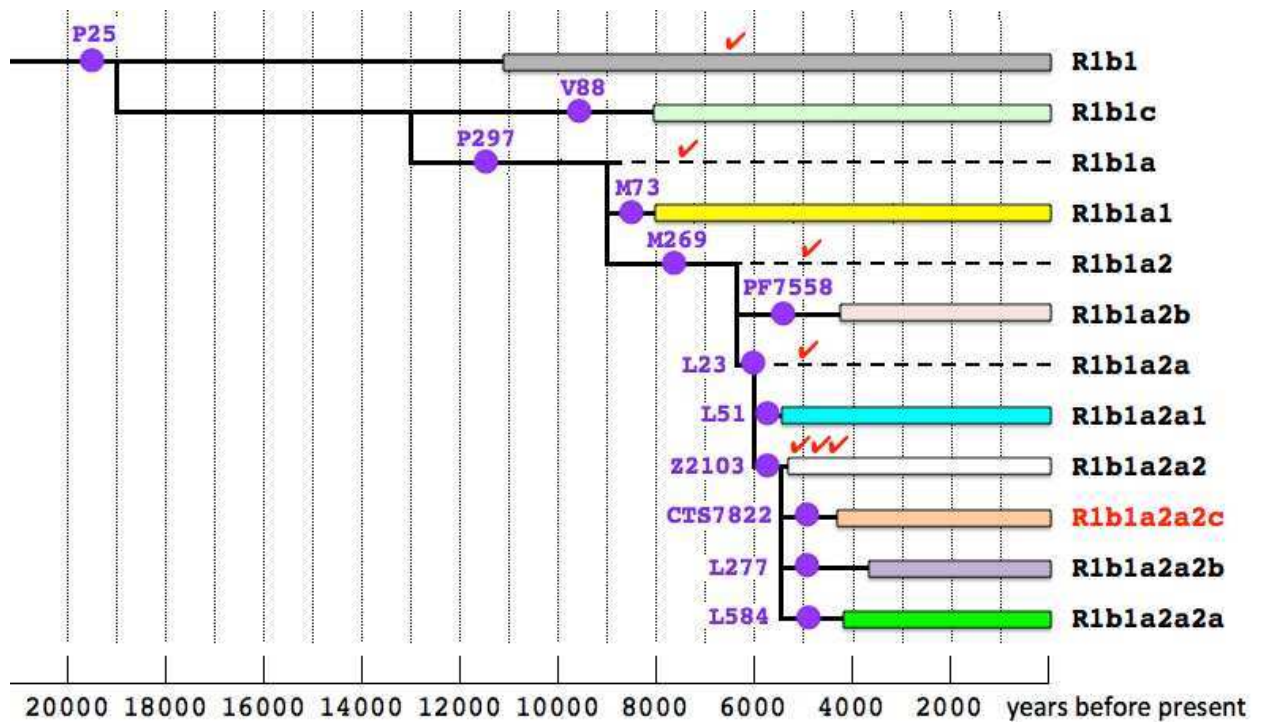


Рисунок 3 Филогенетическое древо гаплогруппы R1b, с указанием основных сипов (позиция на шкале времен произвольна), датировок ветвления и времен жизни общих предков ныне живущих представителей дочерних ветвей (длина цветных прямоугольников). Пунктирные линии отмечают ветви, пока не обнаруженные среди подтвержденных сипами гаплотипов наших современников; галочки соответствуют положению на древе и датировкам ископаемой ДНК из Самарской области.

Согласно оценкам, сделанным независимыми методами (по сипам и по гаплотипам), серия мутаций, специфических для всех ныне живущих представителей субклада Z2103, прошла в промежутке времени между 6200 и 5800 годами назад, после чего, очевидно, начинается рост численности этой ветви, сопровождаемый выделением новых линий, самые изученные из которых характеризуются сипами CTS7822, L277 и L584. К какой из них принадлежите Вы, определить по виду гаплотипа довольно сложно, потому что он находится на большой дистанции от всех своих потенциальных родственников из доступных баз данных. Наиболее простой способ найти свое положение на древе – это заказать со своей личной странички на сайте FTDNA комплексный анализ на сипы, нисходящие к Z2103. Тест носит название R1b-Z2103 SNP Pack, и в нем по весьма разумной цене (119 US\$) анализируют 169 сипов, обнаруженных к настоящему времени у нескольких десятков человек, прошедших углубленный анализ на сипы. По результатам теста можно будет сказать, к какой из уже известных линий Вы относитесь и сделать выводы о путях Ваших предков до того, как они пришли в Литву. В отсутствие этих данных можно рассмотреть древо 111-маркерных гаплотипов с проекта R1b-M269 (P312- U106-) и оценить, с какой группой программа сближает Ваш 67-маркерный гаплотип (рис. 4). Более подробные данные о гаплотипах, составляющих древо, можно получить со страницы ДНК-проекта, а также из прилагаемого PDF-файла.

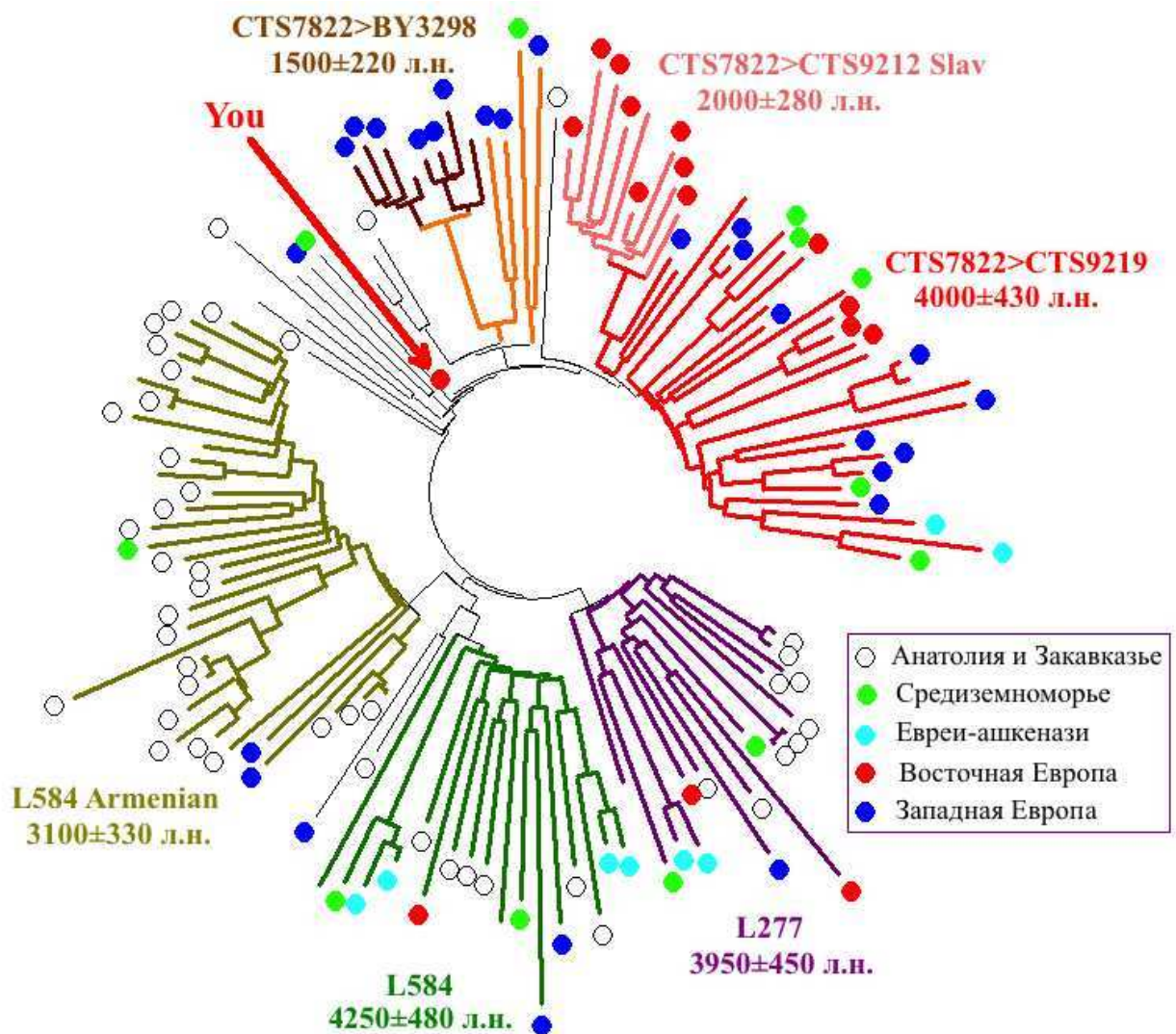


Рисунок 4. Дерево 111-маркерных гаплотипов субклада R1b-Z2103. Цветом выделены основные дочерние подветви, и указаны времена жизни их ближайших по времени общих предков.

Как уже сказано выше, Ваш гаплотип находится на значительной дистанции от всех остальных представителей субклада Z2103, что отображено и на диаграмме, где он не группируется ни с одной из ветвей. Ветвь CTS7822 располагается несколько ближе, что согласуется и с ее географическим распределением. Большой Кавказский хребет четко отделяет ее ареал от родственных ветвей L584 и L277. Видимо, это говорит о том, что последние образовались и начали свой рост уже в Закавказье и Анатолии, тогда как о времени и месте появления родительского субклада Z2103 можно судить по данным ископаемой ДНК. На рис. 3 помечены датировки и отнесение образцов Y-ДНК, полученных из курганных захоронений в завожских степях, относимых археологами к ямной и полтавкинской культурам бронзового века. Судя по относительно небольшому промежутку времени, разделяющему предполагаемое время возникновения родительской ветви Z2103 и находки самых ранних подтвержденных ее носителей, ее предок родился в том же самом регионе в среде одного из скотоводческих племен, населявших евразийские степи. Миграция в Закавказье и Переднюю Азию последовала позже, дав дочерние ветви L277 и L584, особенно распространенные сейчас у армян, ассирийцев и турок. Потомки тех, кто остался в степях, в основном принадлежат к ветви CTS7822, время жизни предка которой можно оценить как 5000±500 лет назад.

Таким образом, на уровне самого дальнего предка, Вашу линию можно однозначно назвать заволжской. Что касается более близких времен, а именно XV века, то точный ответ дать сложнее из-за недостатка данных. Несколько парадоксально, но о ДНК жителей Заволжья бронзового века известно больше, чем о современных обитателях тех же мест, которых можно отнести к их вероятным потомкам. Значительная доля гаплогруппы R1b1a2 была найдена при полевых исследованиях башкир, туркменов и уйгуров Сибиряка. Однако их не типировали на снippets, нисходящие к M269, а гаплотипы либо не публиковались, либо публиковались в очень коротких форматах, исключающих надежное отнесение к той или иной ветви, равно как и сравнение с Вашим 67-маркерным гаплотипом. По этой причине ответ на второй Ваш вопрос ждет своего решения, пока среди народов Поволжья или Центральной Азии не будет найдена та же линия гаплогруппы R1b, которую, как хотелось бы надеяться, Вы узнаете по результатам анализа на снippets.

Косвенную информацию о месте происхождения того рода, из которого вышел предок Вашей литовской линии, можно получить, сравнивая историю других генеалогических линий литовских татар, принадлежащих к гаплогруппам G2a, J2a, N1c, R1a и R1b. Наиболее изученной является группа в составе 7 участников, представляющая ветвь R1a-YP413, широко распространенную у киргизов и алтайцев. По архивным данным удалось установить, что некоторые ее представители в XVII веке пользовались личными печатями, один из элементов которых совпадал с тамгами киргизского племени Бугу, с начала XVII века занимавшего земли к востоку от озера Иссык-Куль, но пришедшего туда с Алтая или Саян. Гаплотип современного киргиза из этого племени составил единое целое с литовско-татарской ветвью, сходящейся к предку, жившему около 600 лет назад. Можно заключить, что данный род имел корни на Алтае или в примыкающих к Алтаю степях, откуда переселился в Европу до того, как кто-то из его представителей перешел на литовскую службу. Прямой связи с Заволжьем эта линия не имеет. Помимо YP413, гаплогруппа R1a у литовских татар представлена ветвями L1029, YP951 и S23201. Первые две довольно характерны для белорусов и литовцев из Виленского края, а их носители, возможно, по своей прямой мужской линии являются потомками местных уроженцев, что вполне возможно, учитывая тесные связи (в том числе брачные) литовских татар со своими соседями-христианами. Ветвь S23201, принадлежащая к «восточному» субкладу Z94, имеет корни в евразийских степях, как можно судить по характерному для таких линий времени жизни предка (1650±250 лет назад) и географии, охватывающей Казахстан, Чечню, Молдову, Венгрию, а также несколько человек из Западной Европы. Такое же происхождение имеют ветви N1c-P43 и R1b-M73, которые можно назвать специфическими для тюркоязычных народов. Представители гаплогруппы J2a относятся к субкладу J2a1h2-L25, распространенному в Средней Азии и также нередкому среди тюркоязычных народов. Наконец, родословная представителя гаплогруппы G2a-L1266 может иметь отношение к причерноморским степям, где носители того же или родственного субклада были найдены в захоронении времен Хазарского каганата.

Таким образом, анализ имеющихся данных по ДНК-генеалогии литовских татар указывает, что большая часть их линий берет начало из евразийских степей, в отличие от казанских татар, в основном являющихся потомками коренного населения Поволжья. За исключением «киргизской» ветви YP413, пока не удастся привязать найденные линии к тому или иному народу позднего Средневековья. Видимо, следует ожидать, что в будущем удастся найти родственные Вам линии среди казахов, крымских татар, туркмен или уйгуров. Возможно, что «кузены» найдутся и ближе, в Польше, Литве или Белоруссии, среди тех, кто утратил сведения о своих ранних предках, сменивших религию. В заключение, желаем Вам быстрее найти потерявшихся родственников.