

KLIN ID00048

Гаплогруппа/снипы: I2a-M423

Гаплотип: 13 24 16 11 15-15 11 13 13 13 11 32 17 8-10 11 11 25 15 20 32 12-14-15-15 10 10 21-21 15 12 17 18 34-35 11 10 11 8 15-15 7 12 10 8 11 9 12 22-22 16 10 12 12 12 7 10 30 21 13 14 10 13 11 11 12 9

Регион: Поместье в Мценском уезде (Воеводство Польское), до этого - имение Дорогово южнее Новогрудка (продано вел. кн. Александром в 1500 г.), скорее всего, до 1200 г., до Миндовга.

В своей заявке Вы задали вопросы о месте возникновения Ваше рода и его возможном родстве с некоторыми аристократическими фамилиями. Такими мотивами руководствуется подавляющее большинство людей, заказавших тест ДНК в специализированных компаниях, но, чтобы понимать, что можно извлечь из теста ДНК, а что нельзя, следует 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 слияния 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.

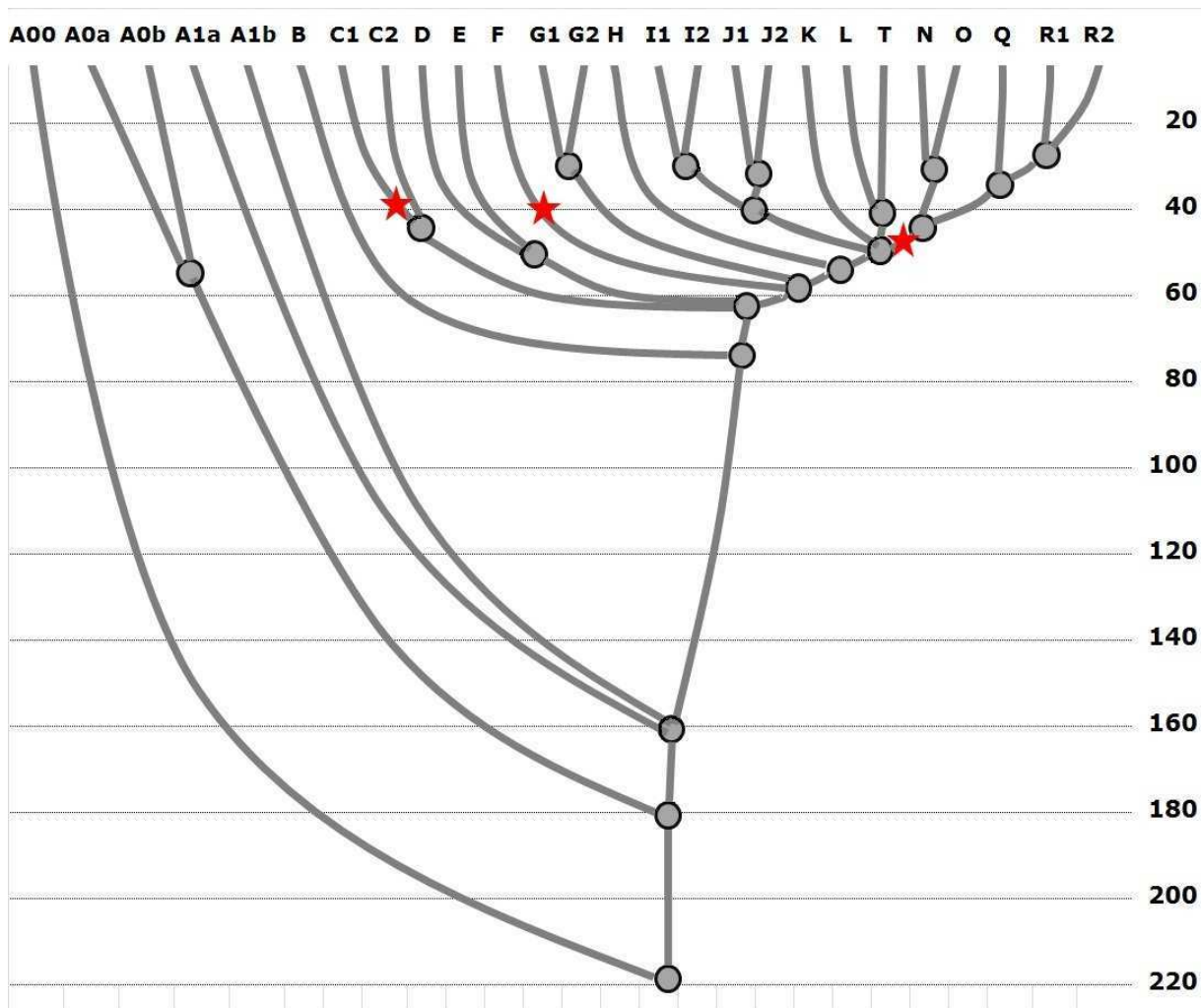


Рисунок 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены места, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Воронежской обл., Румынии и Омской обл., у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времен дана в тысячах лет до настоящего времени.

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).

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.

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 I-M423. 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). Согласно текущей нотации, он соответствует ветви I2a1b, расходящейся, в свою очередь, на несколько неравных по численности ветвей, найденных у жителей Восточной Европы и Британских Островов. Администраторы проекта, к которому Вы присоединились, отнесли Вас к ветви I2a1b2a1 (CTS10228), выделенной на рис. 3. По оценкам из различных баз данных, к ветви CTS10228 относится 30-35 миллионов мужчин по всему миру. Это сопоставимо с численностью мужского населения таких государств, как Великобритания, Франция и Италия, что делает эту довольно молодую (2300 \pm 230 лет до предка) генеалогическую линию самой населенной в древней и разветвленной гаплогруппе I2. Подавляющая часть носителей ветви – это славяне, а также потомки славян, подвергшихся ассимиляции и влившихся в состав немцев, венгров, румын и греков, как можно заключить из распределения секторов малинового цвета на рис. 2. Отмечена она и среди нескольких тюркоязычных народов Восточной Европы – турок, карачаевцев и казанских татар, в течение многих веков живших бок о бок со славянами.

О вкладе ветви I2a-CTS10228 в этногенез славян речь пойдет чуть ниже, а пока следует кратко остановиться на истории гаплогруппы I, упрощенное дерево которой показано на рис. 3. Как можно заключить из данных по ее современным носителям и ископаемой ДНК, гаплогруппа I маркирует древнее население Европы, уходящее корнями в эпоху палеолита. Последующие миграции со стороны Передней Азии, Северной Африки и евразийских степей привели к тому, что автохтоны Европы постепенно уступили свои позиции, были оттеснены на периферию, а многие из существовавших во времена мезолита и неолита линий пресеклись, не оставив прямых потомков. В итоге это привело

к тому, что в настоящее время дерево гаплогруппы I2 выглядит, образно говоря, как большой высохший ствол, на котором то там, то здесь зеленеет несколько выживших ветвей. В качестве примера можно привести представителей ветвей I2c2 (PF2878) и I2a1b (M423), живших около 8000 лет назад в Центральной Швеции близ г. Мутала. Среди современных шведов, хорошо представленных в базах данных, пока не найдено ни одного представителя этих линий, а это означает, что они либо пресеклись, либо оставили так мало прямых потомков, что при имеющейся плотности тестирования на них еще не «набрели».

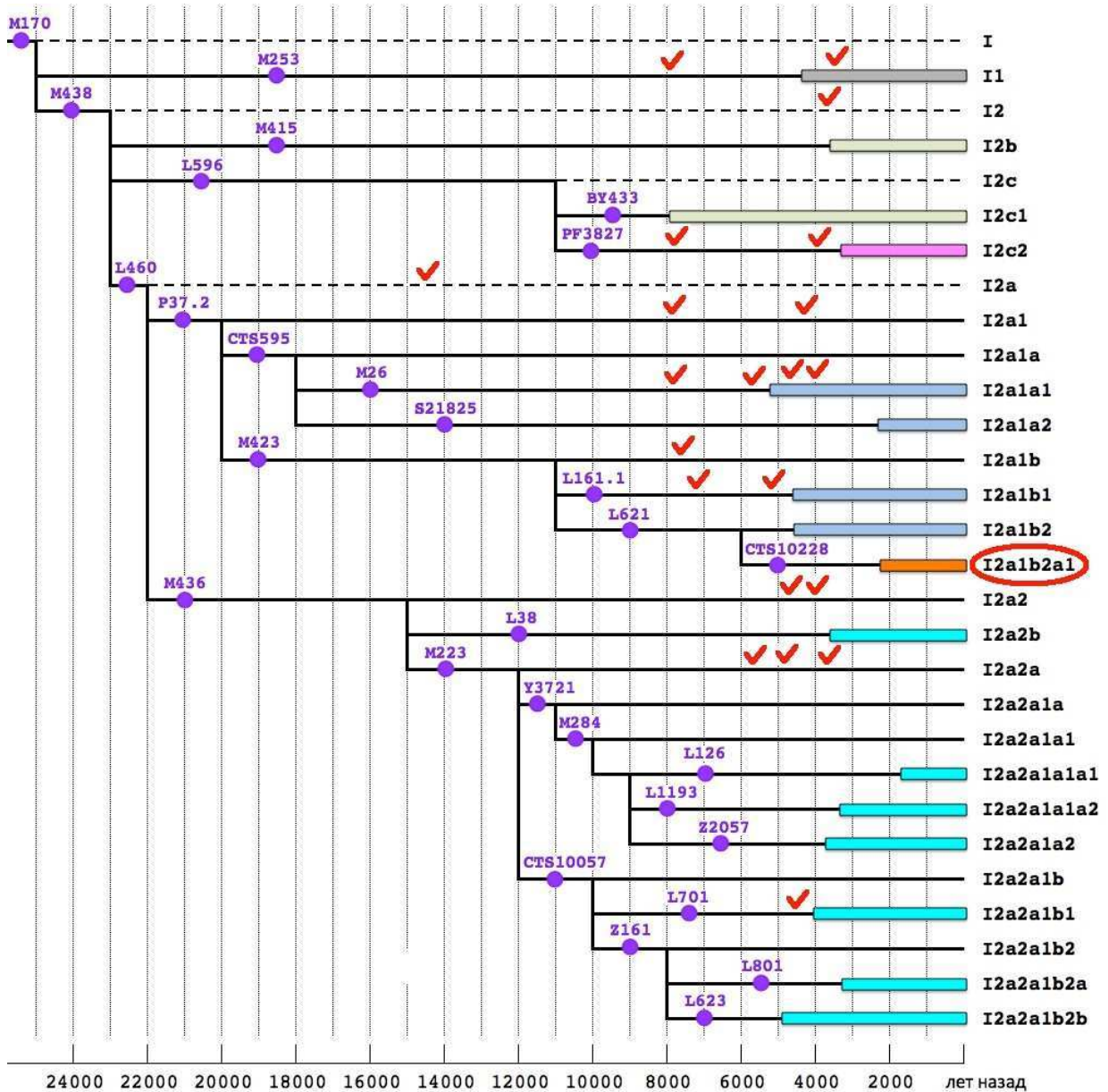


Рисунок 3. Генеалогическое древо гаплогруппы I, с указанием основных мутаций (позиция на шкале времен произвольна), датировок ветвления и времен жизни общих предков ныне живущих представителей дочерних ветвей (длина цветных прямоугольников). Галочками отмечены позиции, занимаемые на древе ископаемыми гаплотипами из Европы. Пунктиром обозначены родительские ветви, для которых пока не найдено ни одного подтвержденного современного гаплотипа.

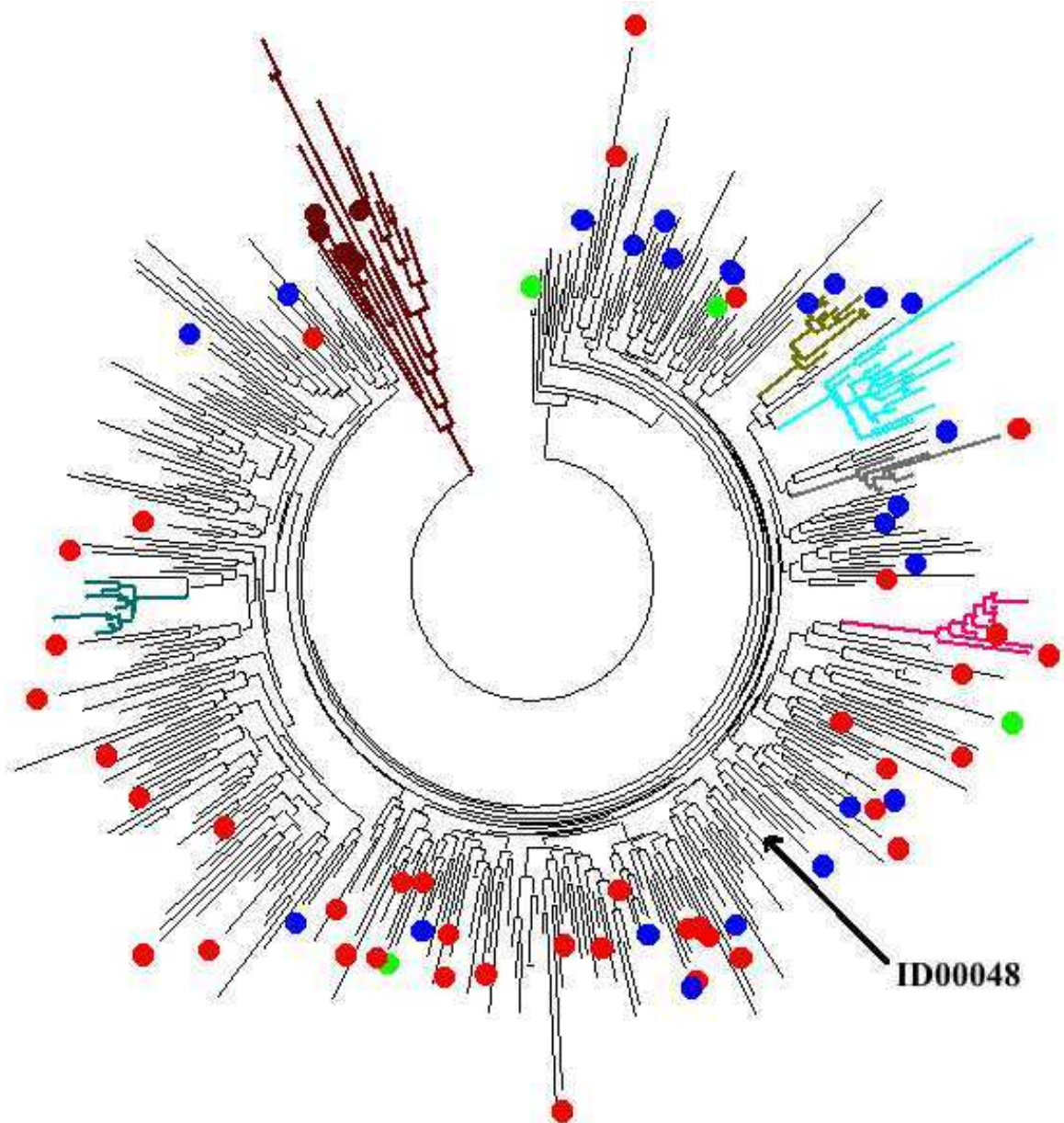
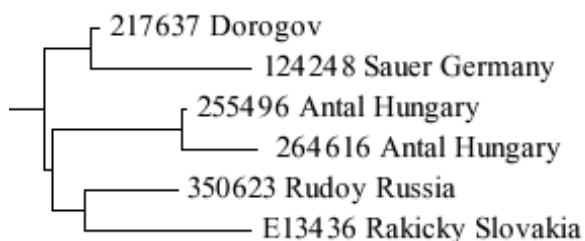


Рисунок 4. Дерево 67-маркерных гаплотипов ветви I2a-L621. Цветные кружки маркируют гаплотипы, подтвержденные снипами в версии YFull. Цветом отмечена родительская ветвь L621 (коричневый), а также семейные линии у белорусов (серый, 700 ± 150 и 625 ± 160 лет до предка), чехов (темно-синий, 400 ± 120 лет до предка), евреев (голубой, 950 ± 150 лет до предка) и карачаевцев (малиновый, 900 ± 200 лет до предка).

Как уже говорилось, самой «разросшейся» ветвью этого дерева оказалась специфическая для славян ветвь CTS10228, к которой Вы принадлежите. Помимо своей численности, она выделяется еще тем, что является единственной линией гаплогруппы I2a-L460, основной ареал которой – не Западная, а Восточная Европа. В родительской для нее, и крайне малочисленной ветви I2a1b2-L621 (см. рис. 3) в ДНК-проектах есть немец, поляк и несколько разрозненных фамильных линий с Британских островов, что косвенно говорит о некогда более широкой ее географии. Где, когда и каким образом один из ее представителей оказался в среде протославянских племен в самом начале их формирования, пока неизвестно. Можно отметить беспрецедентно быстрый рост ветви со скоростью около 0,8% в год, что очень много для эпохи античности и средневековья.

Одним из следствий быстрого и стабильного роста является то, что гаплотипы ветвей, дочерних к CTS10228, сильно перемешаны и не разделяются даже в максимально возможном на сегодняшний день 111-маркерном формате. В этом можно убедиться из структуры дерева, изображенного на рис. 4, где отмечено положение Вашего гаплотипа. Синие и красные кружки, отмечающие положение гаплотипов из ветвей Y4460 и S17250, соответственно, не образуют отдельных секторов на диаграмме и зачастую соседствуют друг с другом. По этой причине пока нет возможности сказать с определенностью, насколько близки к Вам участники, разделенные дистанциями в несколько мутаций. Кто-то из них может оказаться в не столь уж дальнем родстве, а кто-то сблизился с Вами случайным образом, как листья на разных ветвях, растущих параллельно друг другу. Чтобы их различить, необходимы данные о снипах сравниваемых гаплотипов, желательно на как можно более глубоком уровне. Пока этих данных нет, можно говорить о Вашем вероятном родстве со следующими участниками, которых отобрала программа:



Расчет дает 875 ± 200 лет до ближайшего по времени общего предка, жившего, вероятно, на территории современной Польши или Белоруссии, если исходить из того, что участник из Германии имел корни в Восточной Пруссии или Померании. Поскольку никто из этой мини-ветви не тестировался на снипы, отнесение остается сугубо предварительным. Возможно, при более глубоком исследовании может подтвердиться также близость к 250018 Габрилюнасу из Литвы, 214376 Янику из Польши, 323582 Бокову с корнями в Тобольске, N97830 Леду с Украины и 258785 Позняку из Белоруссии. Их добавление, однако, не меняет ни времени, ни вероятного места жизни вашего общего предка. Это, в целом, согласуется с информацией о предках рода, живших на западе Белоруссии. В тех же местах (Гродненская губерния), например, берет начало родословная известного музыканта А.В. Макаревича, носителя той же самой ветви гаплогруппы I2, что и Вы. На сегодняшний день, это максимум того, что можно извлечь из Вашего анализа ДНК.

Интересующие Вас Квашнин и Четвертинский находятся существенно дальше, и их родство с перечисленными выше участниками находится на уровне общего предка всей многомиллионной ветви CTS10228. Что касается ветви D1sles в нотации К. Нордведта, то это то же самое, что и родительская ветвь L621 на приведенных здесь схемах. Об ее судьбе см. выше. В заключение, желаем Вам продолжения своих поисков и новых интересных результатов в этой работе.