

KLIN ID00050

Гаплогруппа/снипы: R1a-YP335

Гаплотип: 13 25 16 10 11-15 12 12 10 13 11 30 15 9-10 11 11 23 14 20 31 12-15-15-16 11 12 19-23 15 15 16 20 34-38 13 11 11 8 17-17 8 12 10 8 11 11 12 22-22 15 10 12 12 14 8 14 24 23 12 12 11 13 11 11 12 13 33 16 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 29 12 13 24 13 9 10 19 15 20 11 22 15 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 12 11

Регион: Россия, Воронежская губерния, Задонский уезд, Нижне-Студенецкая волость, село Рогожино

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 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 сипов 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.

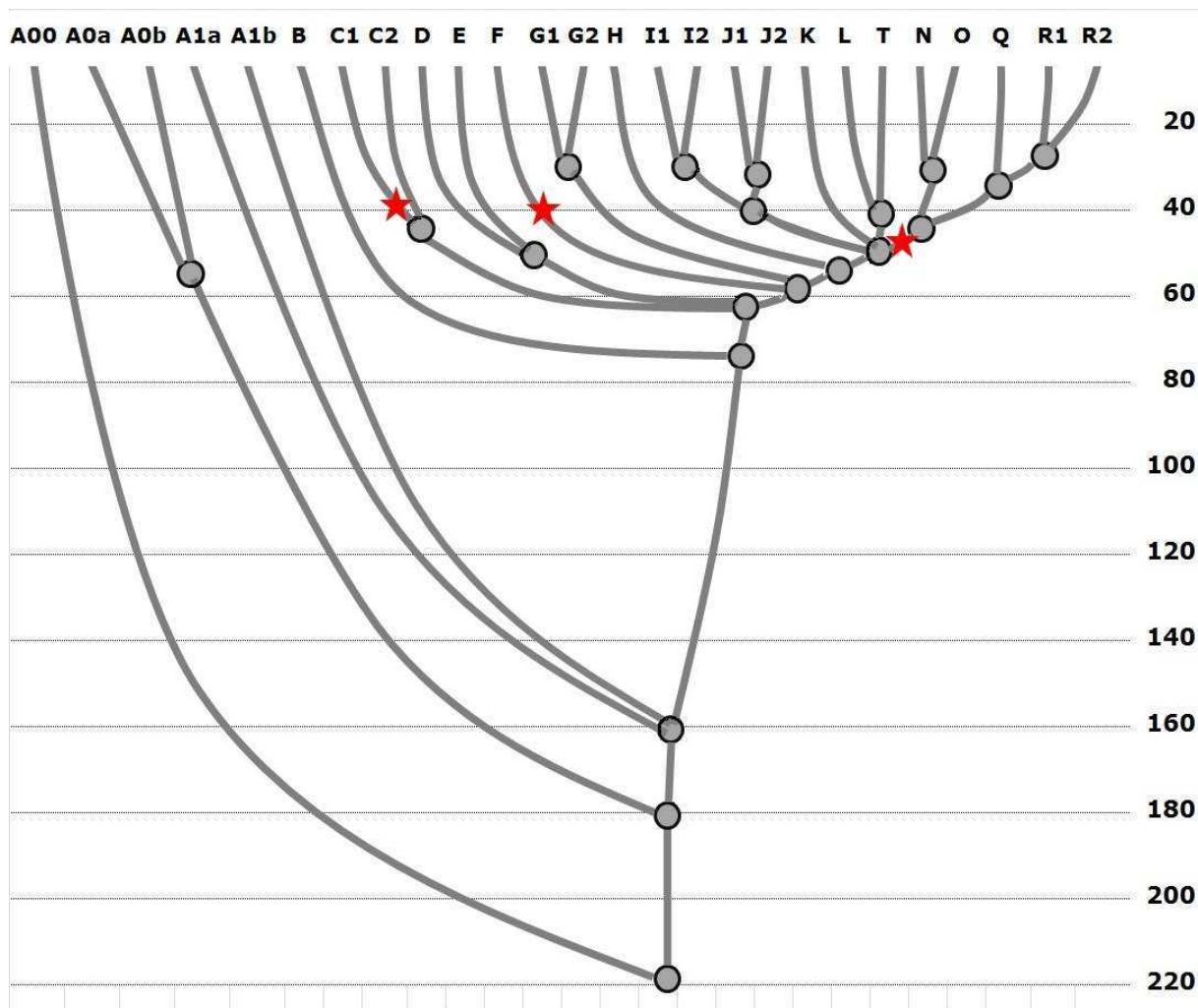


Рисунок 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены места, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Воронежской обл., Румынии и Омской обл., у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времен дана в тысячах лет до настоящего времени.

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

Как следует из предоставленной Вами информации, Вы сделали в компании FTDNA максимально возможный в стандартном заказе тест на 111 маркеров, а также подтвердили свою принадлежность к ветви R1a-YP335, заказав дополнительно тест на соответствующий снип. В базе данных IRAKAZ эта ветвь носит название балтийской-3 и принадлежит, в свою очередь, к балто-карпатской группе ветвей, характеризуемых снипом YP237. Положение Вашей ветви на схеме субклада Z280 показано на рис. 3. Время жизни ее предка датируется 2600 \pm 300 годами назад, а базовый 111-маркерный гаплотип выглядит следующим образом:

13 25 16 **11** 11-15 12 12 10 13 11 30 15 9-10 11 11 23 14 20 **32** 13-15-15-16 11 12 19-23 15 15
18 19 33-38 12 11 11 8 17-17 8 12 10 8 11 11 12 22-22 15 10 12 12 **13** 8 14 **23 21** 12 12 11 13
11 11 12 13 33 **15** 9 15 12 26 27 19 12 12 12 12 10 9 12 11 10 11 11 29 12 **14** 24 13 9 10 19 15
20 11 **23** 15 12 15 24 12 24 19 10 15 17 9 **11** 11

Жирным шрифтом выделены маркеры, отличные от Ваших, что в сумме дают для Вас дистанцию в 16 мутаций от базового гаплотипа.

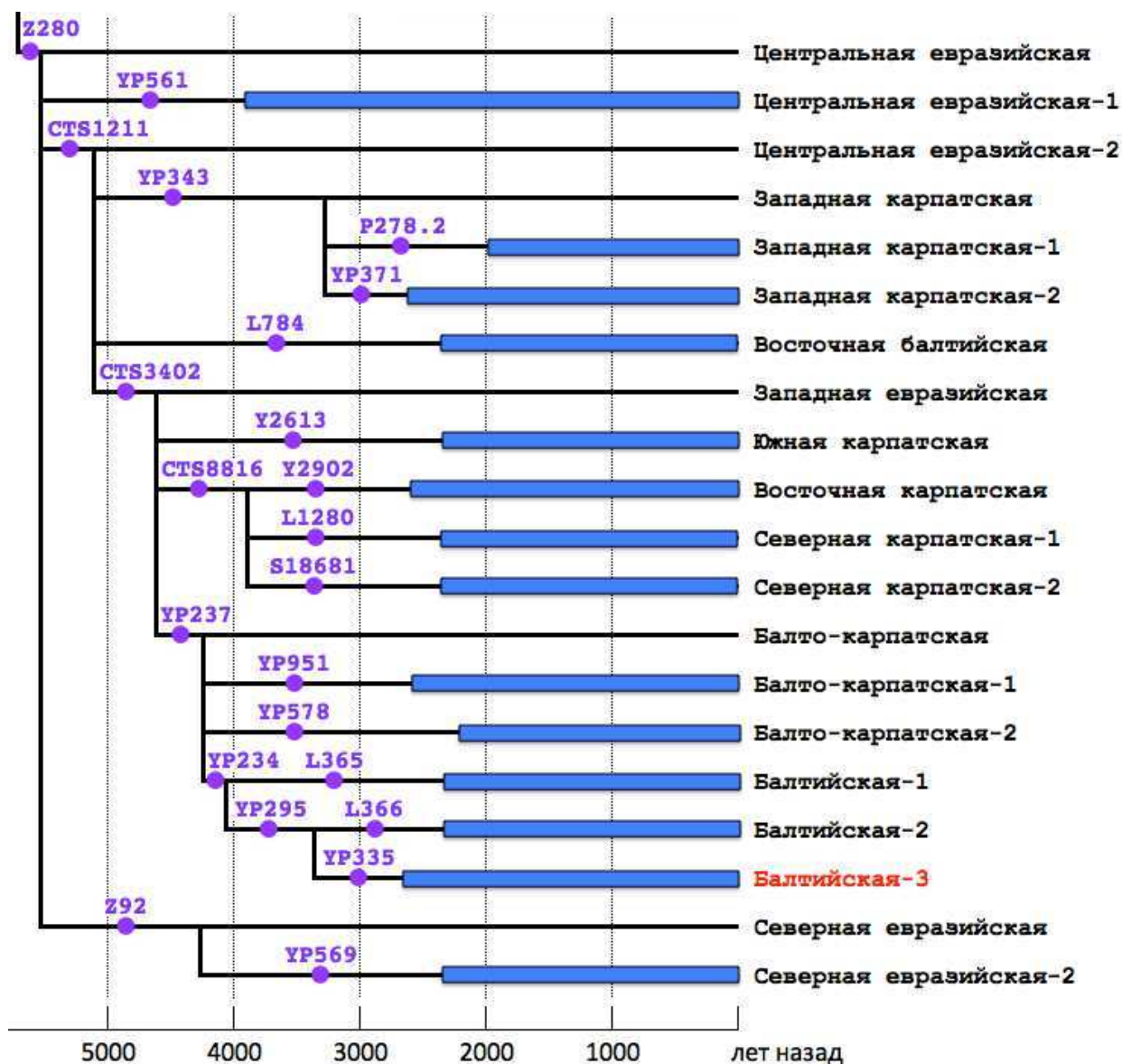


Рисунок 3. Фрагмент филогенетического дерева гаплогруппы R1a, с указанием основных снипов (позиция на шкале времен произвольна), датировок ветвления и времен жизни общих предков ныне живущих представителей дочерних ветвей (длина цветных прямоугольников).

Ваша ветвь относительно невелика по численности, и на настоящий момент в ней насчитывается 39 участников из открытых ДНК проектов с гаплотипами длиной 67 и 111 маркеров. Для сравнения, в имеющей такой же «возраст» восточной карпатской ветви по состоянию на конец мая 2015 года их было 255. Сводка по участникам, с указанием номера кита в FTDNA и этнической принадлежности, приведена в графической форме на рис. 4. Ваше положение отмечено стрелкой, а цветом – компактные группы, несколько выделяющиеся из этой в целом однородной ветви. Программа сгруппировала Вас с администратором украинского национального ДНК-проекта, указавшего корни в Винницкой области, а также с участниками по фамилии Масалов и Нарышкин. К сожалению, они не оставили никаких сведений о своих родословных. Если ваша «красная» мини ветвь реальная, а не результат случайного сближения, то время жизни ее общего предка можно оценить как 1500 ± 330 лет назад. Проверить это можно, проведя довольно дорогостоящий анализ BigY и сравнив его результаты с данными украинца, который его уже сделал.

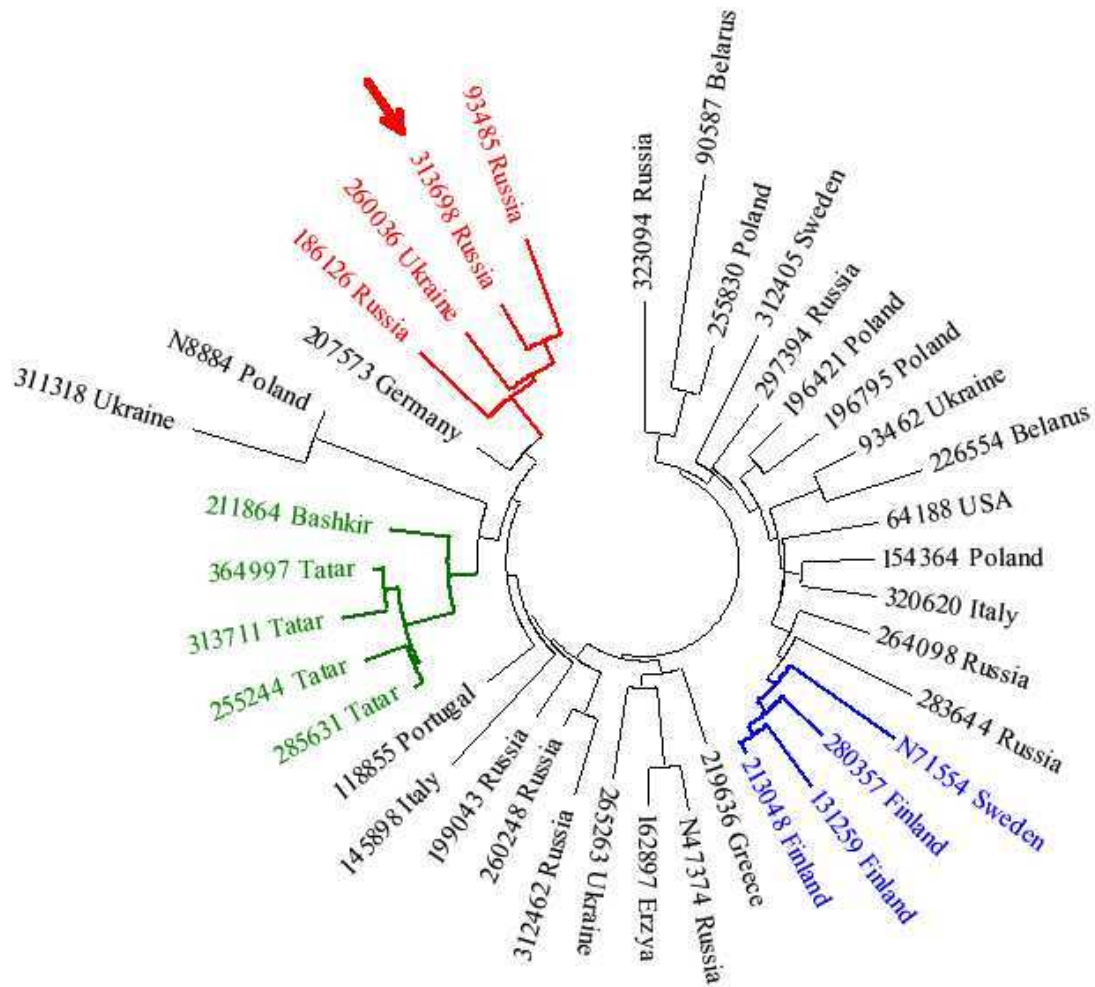


Рисунок 4. Дерево 67-маркерных гаплотипов балтийской-3 ветви (YP335). Гаплотипы подписаны номерами образцов в базе данных Family Tree DNA.

Несмотря на сравнительно небольшую численность, ветвь YP335 рассеяна на большой площади, захватывая даже такие экзотические для гаплогруппы R1a места, как Южная Италия и Португалия. Более подробную информацию можно найти на карте, составленной по материалам из базы данных IRAKAZ, что находится по ссылке

https://www.google.com/maps/d/viewer?mid=zCFuZT9R8rxg.kq_kz_CiQfoo

а также на рис. 5. Ваша ветвь обозначена на ней красными метками:



Рисунок 5. Места рождения самых ранних предков по мужской линии участников ДНК-проектов из балтийской ветви (Y234). Зеленые метки маркируют ветвь L365, синие – L366, красные – Y335.

Из-за географической разбросанности ветви довольно сложно сейчас оценить, к какому народу принадлежал ее предок, живший около 2600 лет назад. Некоторую подсказку может дать анализ двух компактных групп, состоящих из тюркских народов и жителей Северной Европы (финнов и шведов), соответственно. Первая из них, отмеченная на рис. 4 зеленым цветом, сходится к предку, жившему 800 ± 200 лет назад, вторая, выделенная синим – к 1000 ± 250 годам назад. Очевидно, это означает, что во времена раннего средневековья представители ветви Y335 уже входили в состав народов Поволжья и финнов. В свою очередь, по данным археологии и лингвистики эти народы начали формироваться на рубеже нашей эры в бассейне Волги, что служит косвенным указанием на то, что Ваша ветвь начала свой рост на Русской равнине. Весьма вероятен вариант, что Ваши предки, жившие к северу от Воронежа, не особенно далеко ушли от тех мест, где появился на свет предок всего ДНК-рода, ныне рассеянного почти по всей Европе.

Если обратиться к родственным балтийским (Y234) и балто-карпатским (Y237) ветвям, то можно с большой вероятностью сделать вывод, что они восходит к потомкам людей, заселивших в начале бронзового века (3700-3300 лет назад) обширные пространства в лесной зоне Русской равнины, от Вислы до среднего течения Волги. Их материальные следы археологи относят к Фатьяновской культуре, а лингвисты считают, что эти племена говорили на языках индоевропейской группы, родственных балто-славянским и индоиранским. Те, кто жили западнее, к началу железного века приняли участие в формировании балтских и славянских народов. Остальные в значительной мере подверглись ассимиляции со стороны скифов, сарматов и переселившихся из-за Урала финно-угорских и тюркских народов. Очевидно, следствием ассимиляции можно считать необычно пестрый этнический состав ветви Y335, оказавшейся в силу обстоятельств на перекрестке миграционных путей поздней античности и раннего средневековья.