

KLIN ID00051

ФИО: Семеновы

Гаплогруппа/снипы: N-L708

Гаплотип: 14 23 14 10 12-13 10 13 14 29 25 14 19 30 14 16 10 22

Регион происхождения (начало XX века): Россия, Владимирская обл., Судогодский р-н, д. Каменица (сейчас входит в состав Головинского сельского поселения), русские, старообрядцы.

Гаплотип определен в России, в Московской Лаборатории ДНК-генеалогии:

<http://dna-academy.ru/>

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.

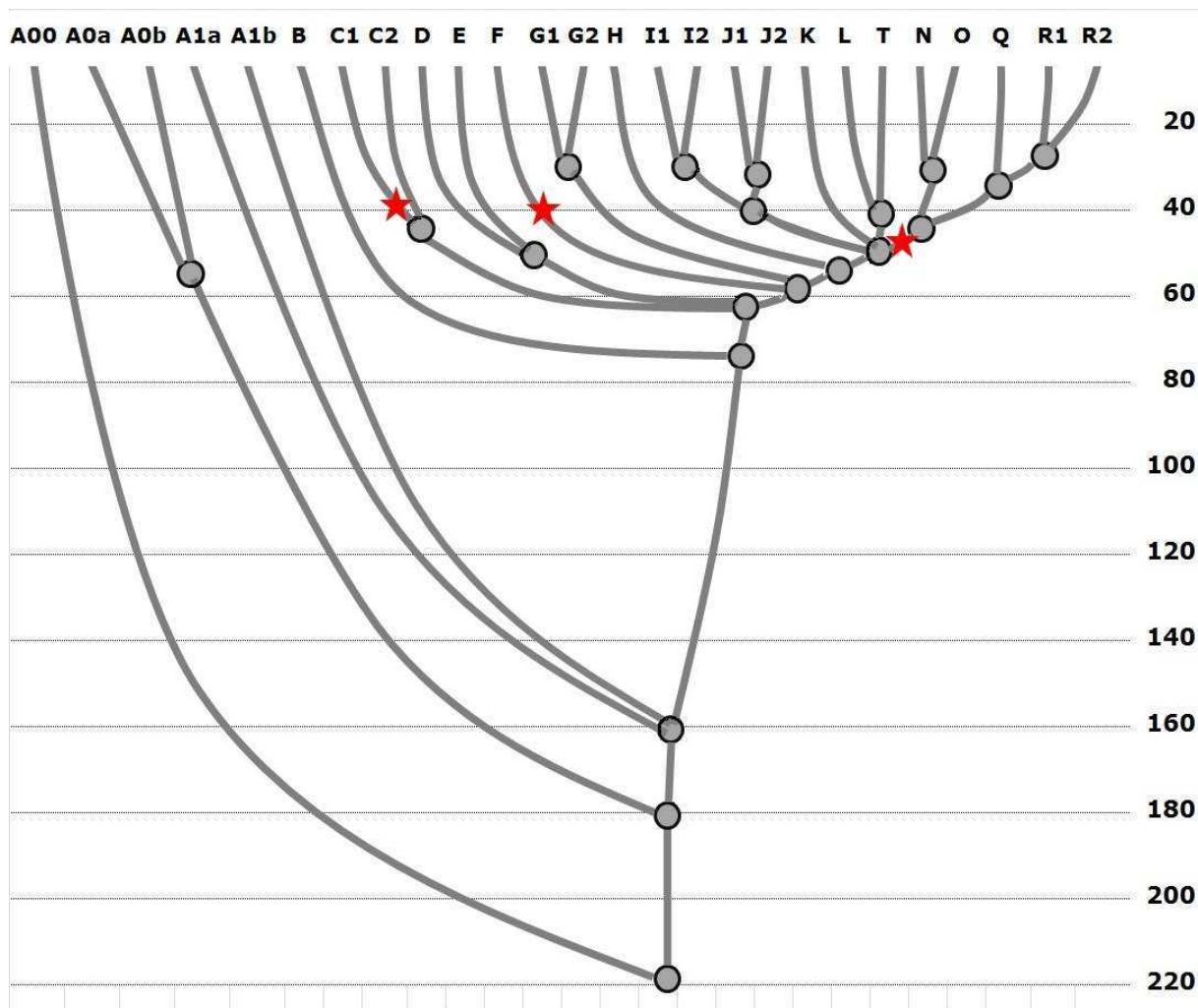


Рисунок 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены места, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Воронежской обл., Румынии и Омской обл., у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времен дана в тысячах лет до настоящего времени.

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).

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

Вы представили данные своего анализа на снип и 18-маркерный гаплотип, по результатам которых была определена Ваша принадлежность к гаплогруппе N1c-L708. Это одна из самых распространенных генеалогических линий народов Русской равнины, как можно заключить из зеленых секторов на гаплогарте Европы (рис. 2). К ней принадлежат примерно 40% литовцев и латышей, 12-20% русских, белорусов и казанских татар, и 5-7% украинцев с поляками. В свою очередь, эта ветвь, рост которой начался около 7000 лет назад, расходится на большое количество более молодых дочерних ветвей, многие из которых имеют выраженную привязку к тем или иным регионам и этническим группам, что отображено в их названиях на схеме внизу.

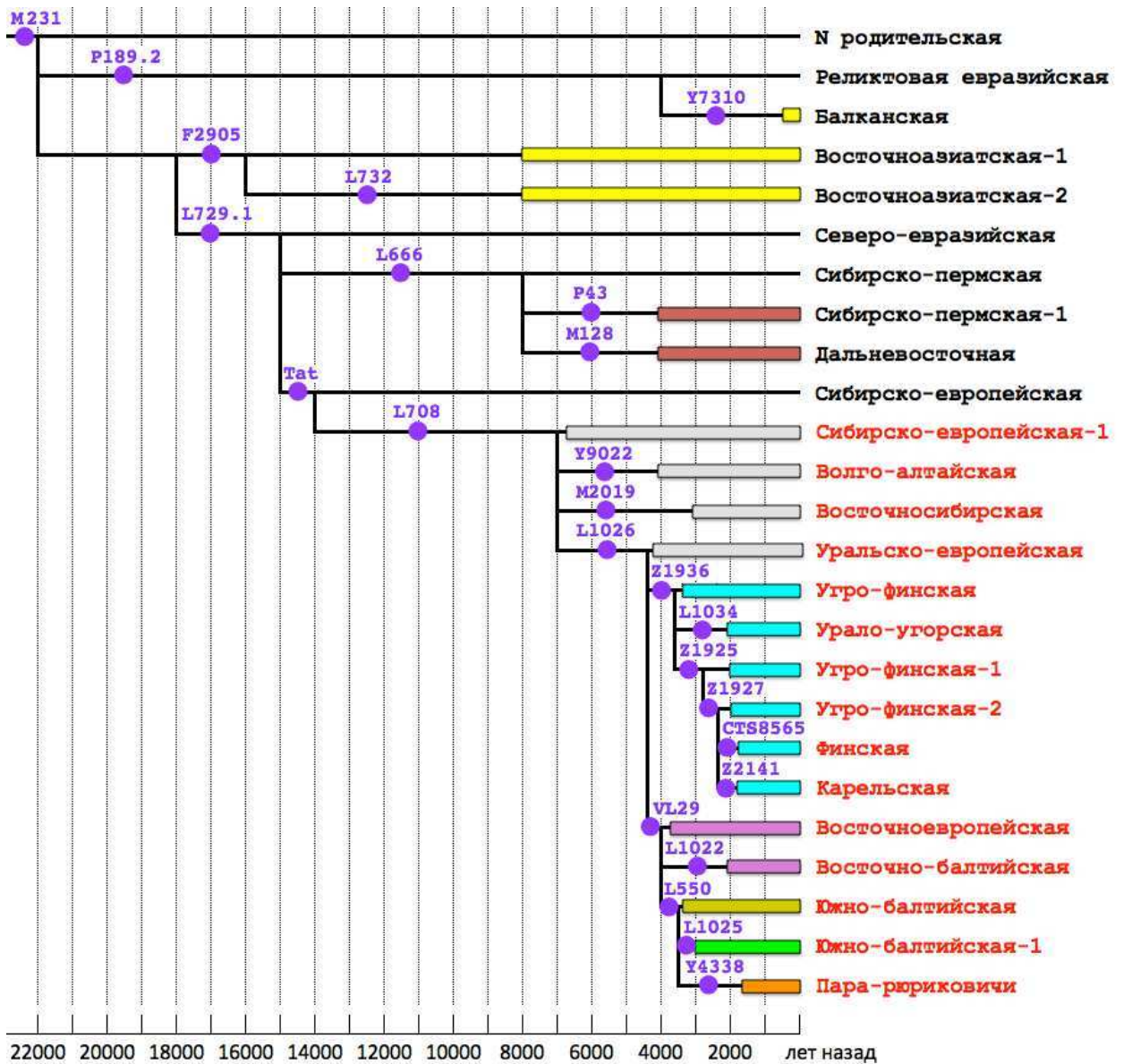


Рисунок 3. Упрощенное филогенетическое древо гаплогруппы N, с указанием основных сипов (позиция на шкале времен произвольна), датировок ветвления и времен жизни общих предков ныне живущих представителей дочерних ветвей (длина цветных прямоугольников). Названия ветвей, дочерних к N-L708, выделены красным шрифтом.

Название «сибирско-европейская» передает тот факт, что ветвь L708 является одной из основных линий у коренных народов Сибири, от якутов и эвенков до манси и сибирских татар, а также широко представлена в Европе, особенно у народов Поволжья и Прибалтики. Статистику по распределению ее ветвей в Европе можно найти в разделе «Гаплокарты» на сайте Академии ДНК-генеалогии (<http://dna-academy.ru/haplomaps/>), а также на рис. 4.

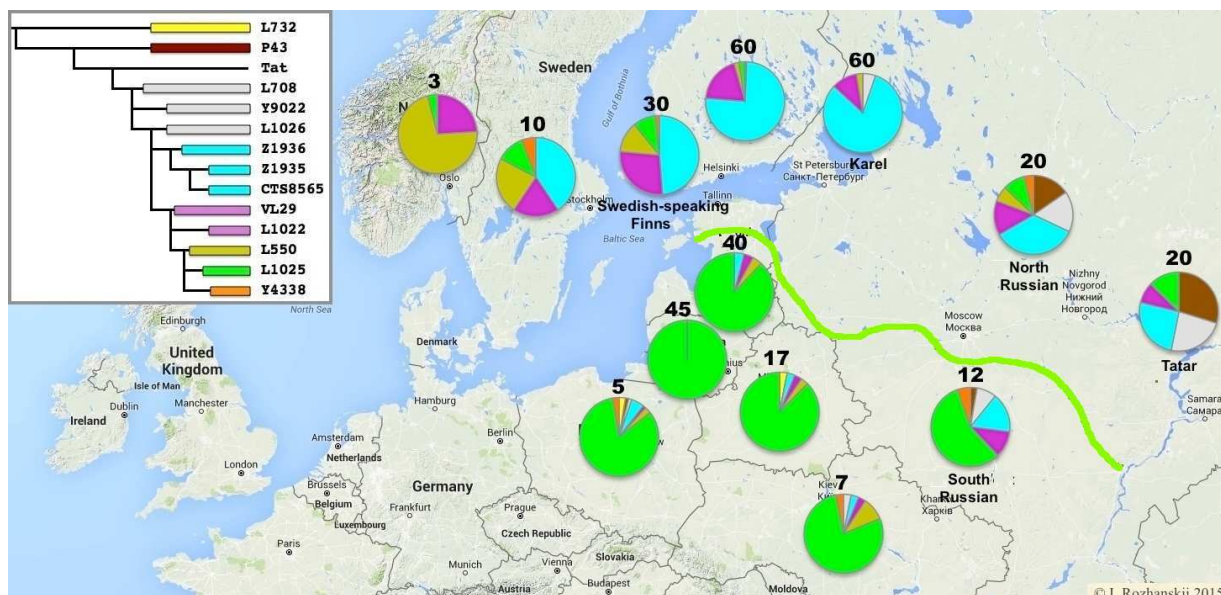


Рисунок 4. Распределение ветвей гаплогруппы N среди европейских популяций. Цифры у круговых диаграмм обозначают примерную долю гаплогруппы N в процентах. Территория России поделена на север и юг согласно диалектологическим данным, где север соответствует зоне северных и средневеликорусских говоров, а юг – зоне южных говоров.

К югу от условной линии, отделяющей латышей от эстонцев, белорусов от русских, а русских, говорящих на южно-великорусских говорах, от их северных соседей, преобладает ветвь L1025. Для севера Русской равнины, а также Финляндии и Швеции, характерны другие ветви субклада L708, а у жителей Русского Севера и Поволжья заметную долю занимает также ветвь P43, общий предок которой с L708 жил около 15000 лет назад. О трактовках столь резкого для равнинной местности географического разделения родственных генеалогических линий речь пойдет ниже, а сейчас следует задаться вопросом, к какой из них может принадлежать Ваш гаплотип. Задача эта не имеет однозначного решения из-за недостаточно высокого разрешения, в сравнении, например, с тем, что предоставляет компания FTDNA, однако, определенные оценки возможны. Для этого было рассчитано дерево 177 участников ДНК-проектов Русской равнины в том же самом 18-маркерном формате, что и Ваш гаплотип. Оно представлено в круговой форме; Ваше положение помечено стрелкой (рис. 5)

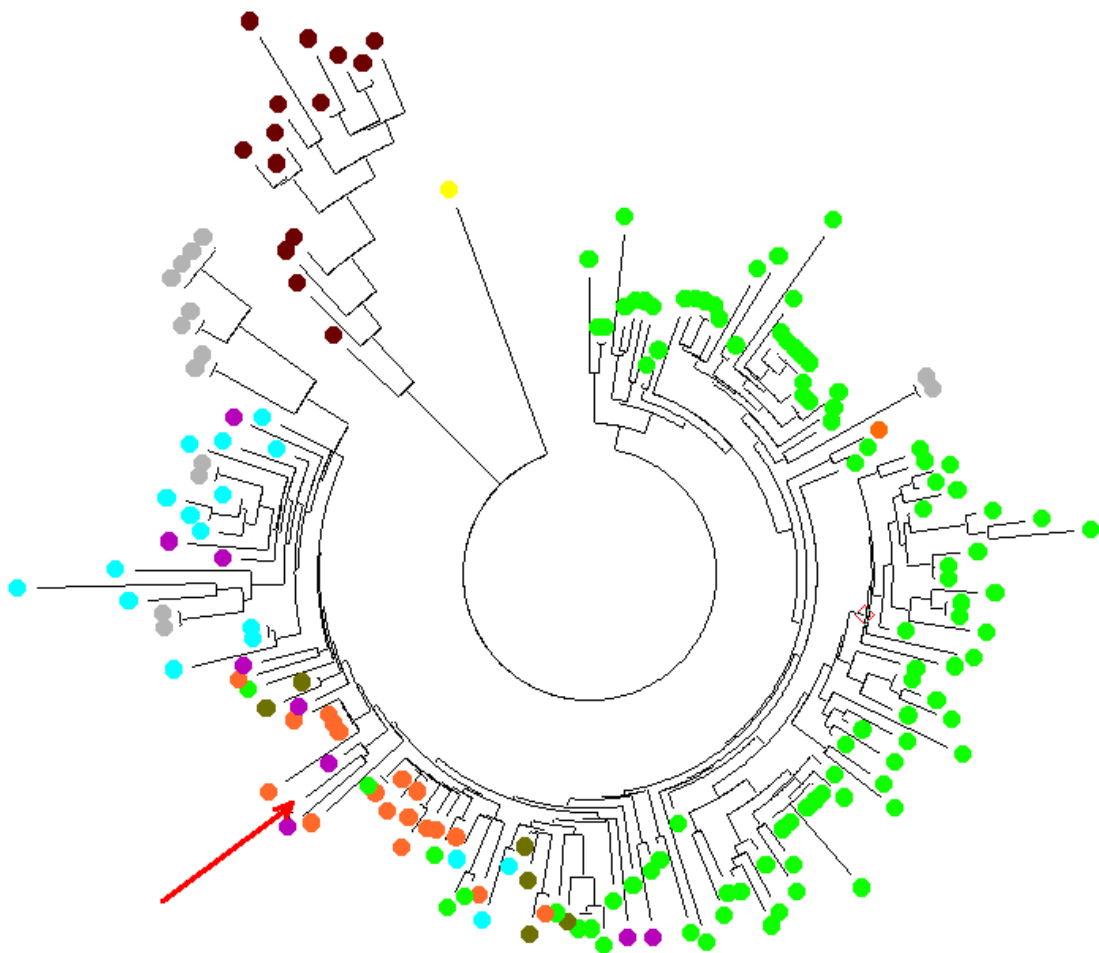


Рисунок 5. Дерево 18-маркерных гаплотипов гаплогруппы N с ДНК-проектов Русской равнины. Цвета меток соответствуют обозначениям ветвей на рис. 3.

Несмотря на небольшое число маркеров, расчетный алгоритм достаточно надежно выделил из общей массы сибирско-пермскую-1 (P43) и южно-балтийскую-1 (L1025) ветви, а потому можно на настоящий момент считать, что вероятность Вашего попадания в них невелика. Тот же самый вывод следует из анализа географии гаплогруппы N в Европе, поскольку территория Судогодского района Владимирской области находится в зоне среднерусских говоров, среди носителей которых доля ветви L1025 невелика. Хотя сейчас нет возможности определить, принадлежите ли Вы к угро-финской (Z1936) или восточноевропейской (VL29) ветви, это не препятствует дальнейшему анализу вероятных путей Ваших предков.