Уважаемый Иванов Иван Иванович! Вы держите в руках Отчет о результатах генетического теста Происхождение. Отчет приоткроет завесу над вашим генетическим прошлым. Вы узнаете историю ваших предков, пути их миграции и из каких этно-географических популяций они произошли.

Технологические достижения в анализе ДНК в настоящее время позволяют узнать о происхождении человека то, что еще 20 лет назад считалось невозможным. Сейчас генетику можно рассматривать наряду с традиционными дисциплинами, такими как история, археология и историческая лингвистика как метод изучения человеческого прошлого. Мы надеемся, что информация, которая приводится в данном отчете, позволит вам сделать важный шаг в сторону изучения происхождения вашего рода.

Коллектив ООО «Медикал Геномикс»

Содержание

Краткие результаты 05

Детальные результаты 07

Информация о полученной гаплогруппе 08
Время и место происхождения 10
Распространение в историческом контексте 12
Распространение сейчас 13

Генетическая генеалогия: возможности и ограничения 15

ДНК и как она используется в генеалогических исследованиях 19

Геном человека и ДНК 20
ДНК маркеры и для чего они нужны 22
Анализ Y хромосомы 23
Анализ мтДНК 24
Гаплогруппы, подгруппы и клады 26
Номенклатура гаплогрупп Y-хромосомы 27
Номенклатура гаплогрупп мтДНК 28
«Митохондриальная Ева» и «Y-хромосомный Адам» 29
Краткая информация о лабораторном процессе 30

Что дальше? 33

Глоссарий 37

Приложение 41

Исследуемый:
Иванов Иван Иванович

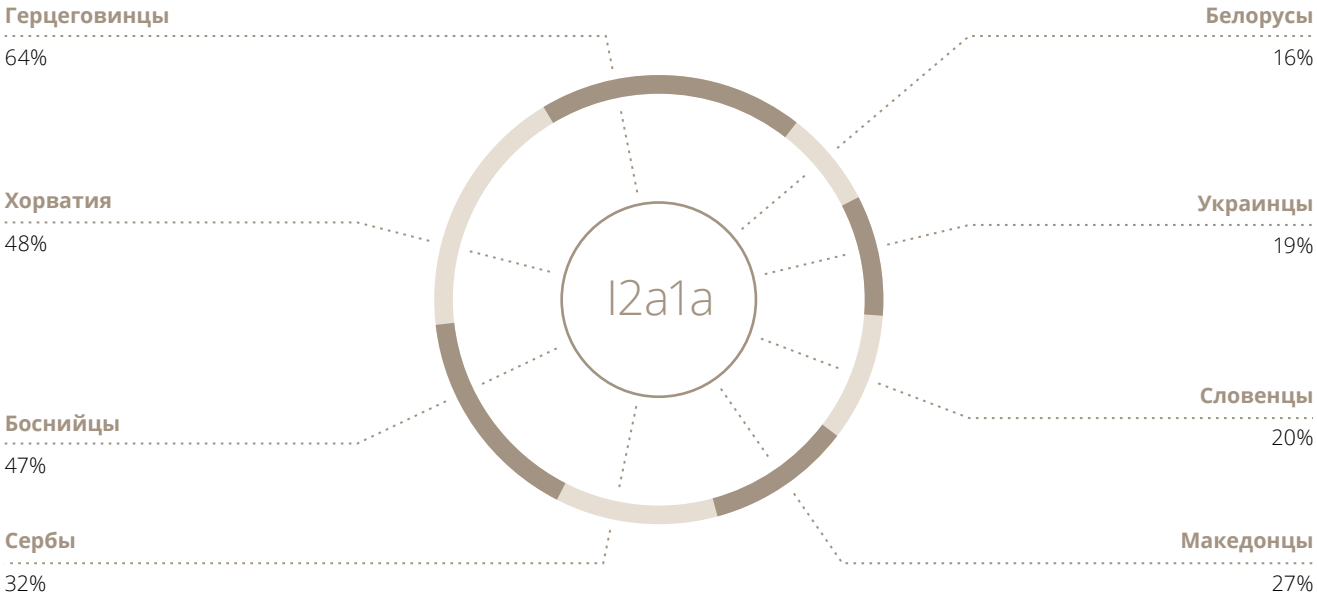
Номер образца:
MG00-00000

Дата получения образца:
22 мая 2020 года

Исследуемый материал:
Соскоб буккального эпителия (ротовой мазок)

Установленная гаплогруппа:
I2a1a

Определяющая мутация:
P37.2

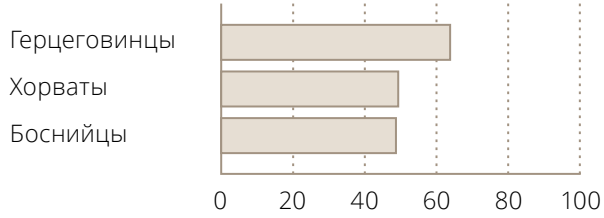


Краткие результаты

Чем больше процентов людей являются носителями одной гаплогруппы в рамках этноса — тем более он однороден. Большие нации обычно сложились из носителей различных гаплогрупп, то есть людей, имеющих разное происхождение.

Наибольшее распространение гаплогруппы I имеется в 2 очагах распространения: 1) это гаплогруппа I1 с центром в Скандинавских странах среди шведов, финнов, датчан и норвежцев; 2) это гаплогруппа I2 с центром на Балканах в Хорватии и Сербии. Обе гаплогруппы распространены и в остальных странах Европы — приблизительно в соотношении 15%.

Распространение гаплогрупп в рамках этноса:



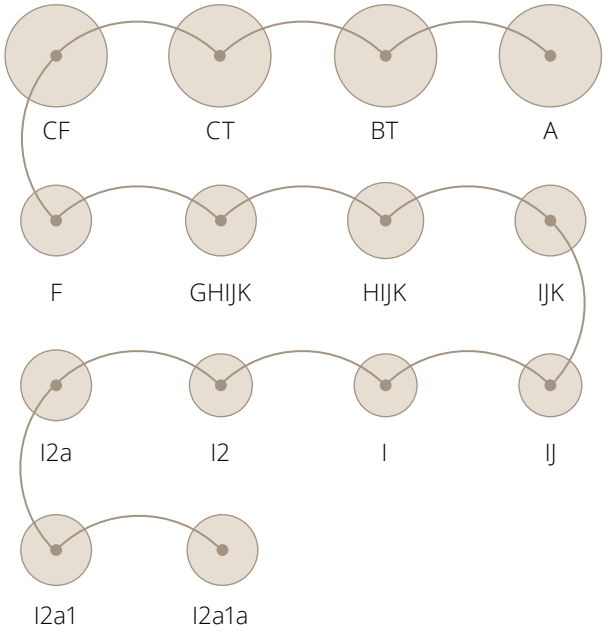
Детальные результаты

Время возникновения:
9000 лет назад

Место возникновения:
Южная Европа

Распространение:
Высокое

Последовательность гаплогрупп:

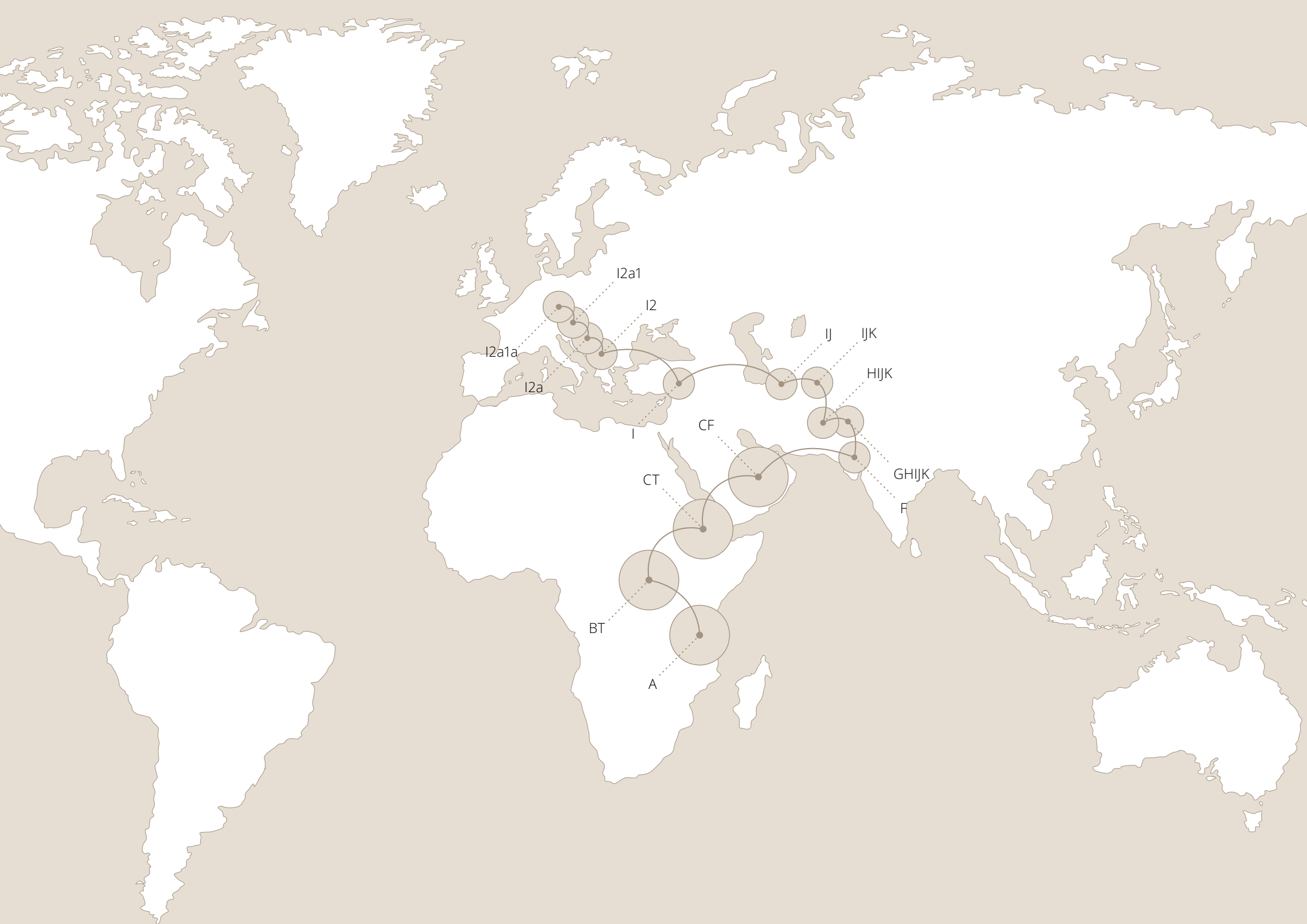


На основе накопленных данных можно реконструировать миграции людей и локализовать примерные регионы возникновения гаплогрупп и их последовательность.

Гаплогруппа серии A — Y-хромосомный Адам — понятие из археогенетики, обозначающее наиболее близкого общего предка всех ныне живущих людей по мужской линии. Это имя не обозначает одного конкретного человека, так как генетические исследования постоянно меняют оценки жизни ближайшего общего предка. Y-хромосомный Адам аллегорически назван в честь библейского Адама, но он не был первым или единственным мужчиной своего времени. Y-хромосома человека является половой хромосомой, передающейся исключительно от отца к сыну, и от Y-хромосомы «Адама» должны происходить Y-хромосомы всех сегодняшних мужчин. Современники Y-хромосомного Адама и жившие до него мужчины имели другую Y-хромосому, однако их род по мужской линии со временем был оборван, и таким образом, потомки Y-хромосомного Адама по мужской линии со временем вытеснили из популяции людей другие Y-хромосомные гаплогруппы.

Приблизительное время существования Y-хромосомного Адама определяется методом молекулярных часов: зная количество оснований в хромосоме и частоту их мутаций, можно определить, сколько прошло времени с момента появления хромосомы. Y-хромосома имеет маленькую длину и низкую частоту мутаций. Это замедляет идентификацию полиморфизма хромосомы и, как следствие, снижает точность оценки мутации Y-хромосомы.

Информация о полученной гаплогруппе


I2a1
I2
I2a1a
I2a
I
IJ
IJK
HIJK
CF
GHIJK
F
CT
BT
A

Схематичная иллюстрация человеческих миграций с гаплогруппой I2a1a:

Время и место происхождения

I – самая старая гаплогруппа в Европе и, по всей вероятности, единственная, которая возникла там (кроме субкладов других гаплогрупп). Считается, что носители гаплогруппы IJ прибыли из стран Ближнего Востока около 35 000 лет назад, и превратились в гаплогруппу I примерно 25 000 лет назад. Это означает, что кроманьонцы, скорее всего, принадлежали (как минимум частично) к IJ или I. Были кроманьонцы и других популяций. 20 000 лет назад (или даже на несколько тысячелетий раньше) из Северной Африки в Европу прибыла также популяция хамитов E1b1b1 — возможно, негроидов. Гаплогруппа I2 — гаплогруппа Y-хромосомы. Наивысшей концентрации достигает у жителей Боснии-Герцеговины, Сербии и Хорватии. Гаплогруппа I2 происходит от мутации гаплогруппы I, произошедшей у мужчины, жившего около 27 500 лет назад. Сама гаплогруппа возникла между 26 000 — 31 000 лет до н.э. Последний общий предок современных носителей гаплогруппы I2 жил 21 600 лет назад (даты определены по снипам компанией YFull). Максимальной частоты достигает в Динарском нагорье. Мужчины, носители этой гаплогруппы, имеют рекордный для мировой статистики средний рост — 185.6 см.

Южная Швеция

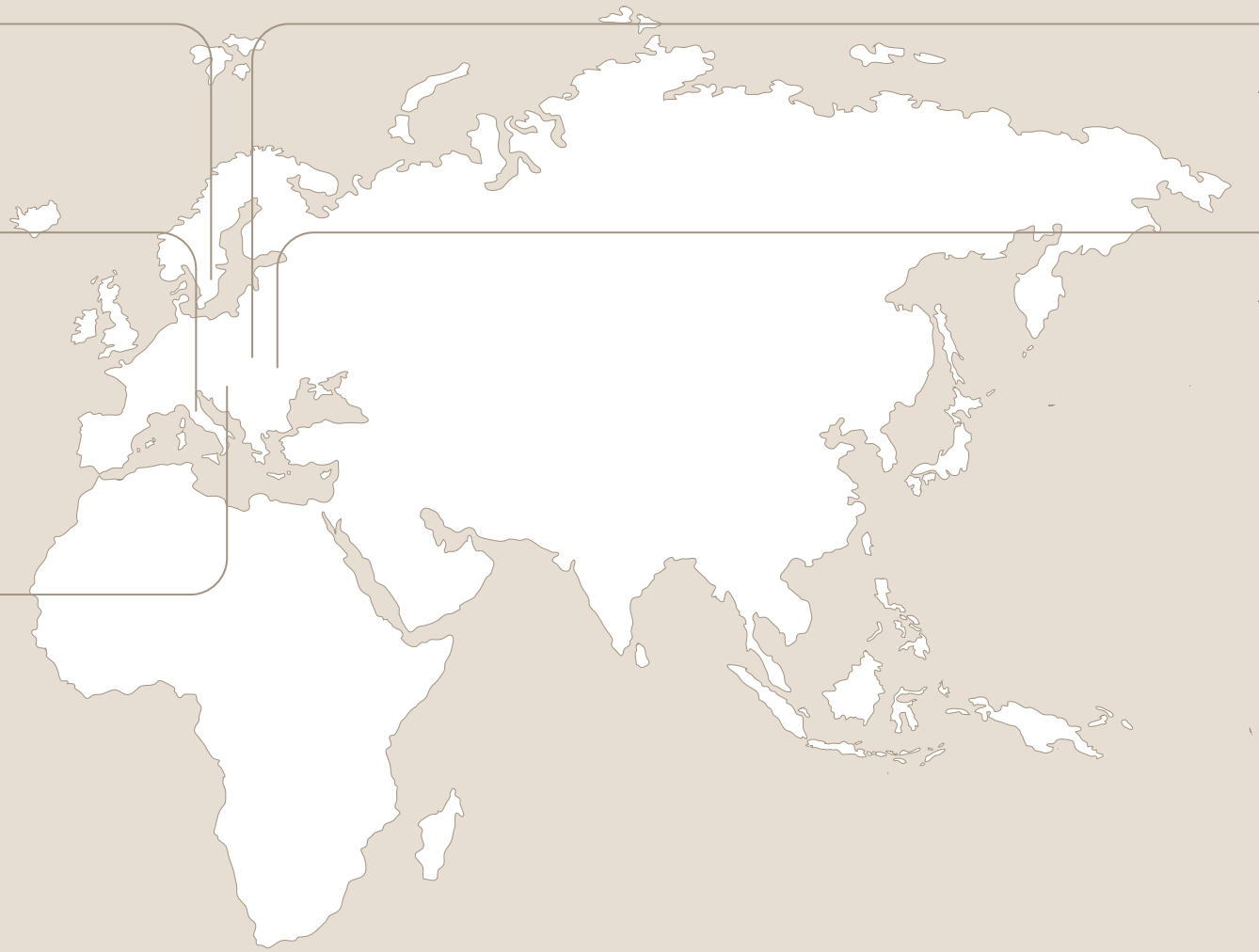
Дата: 7500 г. до н.э.
Археологическая культура:
Нет данных

Северная Италия

Дата: 4300 г. до н.э.
Археологическая культура:
Ремеделло

Центральная Сербия

Дата: 5700 г. до н.э.
Археологическая культура:
Старчество-Криш



Центральная Венгрия

Дата: 4500 г. до н.э.
Археологическая культура:
Лендаль

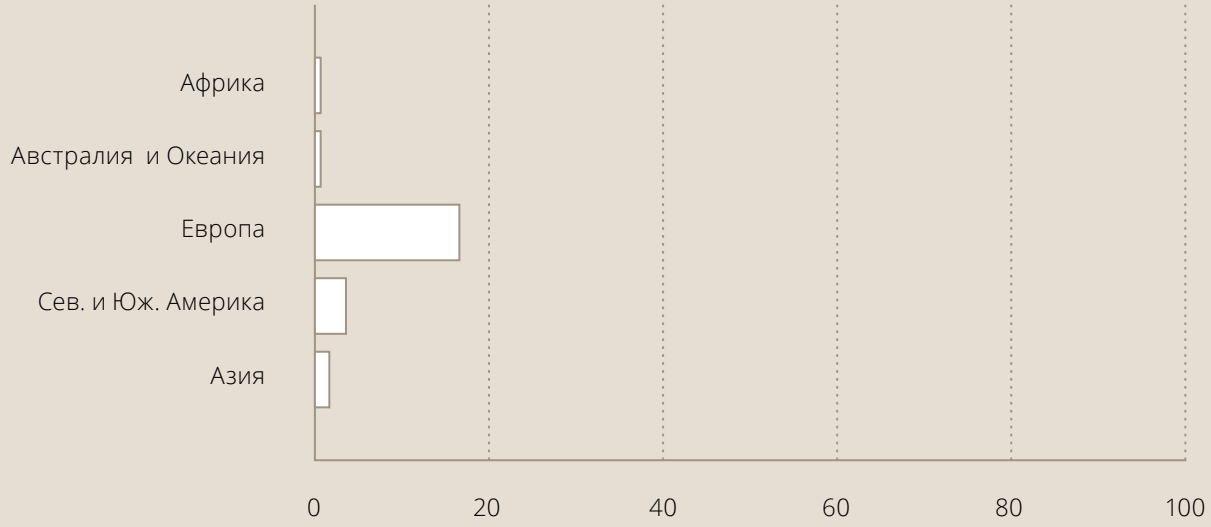
Южная Венгрия

Дата: 4900 г. до н.э.
Археологическая культура:
Нет данных

Распространение в историческом контексте

Более компактное распространение может говорить об общности происхождения людей в конкретных регионах и стабильном существовании популяций, а более рассеянное распространение — об активных миграциях и/или драматических событиях в истории.

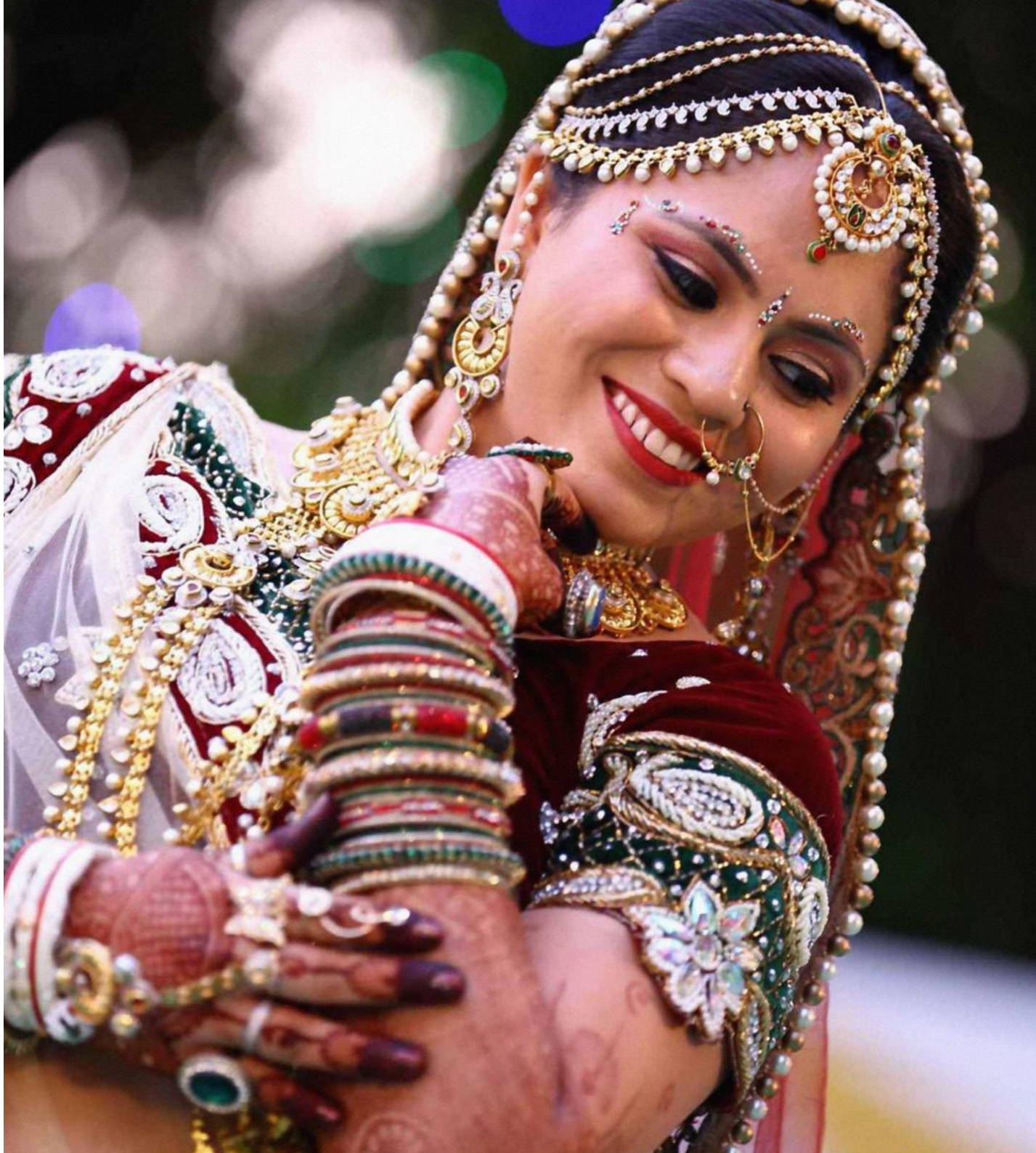
Распространение сейчас



Генетическая генеалогия: возможности и ограничения

Генетическая генеалогия (или ДНК генеалогия) — это использование анализа ДНК в сочетании с традиционными генеалогическими методами для определения отношений между людьми, в том числе и с целью установления их этнического происхождения. Генетическая генеалогия позволила многим людям проследить свое происхождение, даже тогда, когда они не могли использовать традиционные генеалогические методы. На сегодняшний день более 20 миллионов людей из разных стран сделали генетический анализ с целью получения информации о своем происхождении.

Начиная изучать свою генеалогию и этническое происхождение при помощи генетического анализа, необходимо четко понимать возможности и ограничения методов генетических исследований. ДНК анализ позволяет установить то, что обычными генеалогическими методами установить невозможно. Документальные свидетельства из архивов могут быть безвозвратно утеряны, могут не охватывать интересующий человека период. Часто, из-за политических и других причин, люди вынуждены были менять свои имена, фамилии и даже даты рождения. Все это очень сильно усложняет использование традиционных генеалогических методов исследований для установления родословной и этнического происхождения. Анализ ДНК позволяет получить информацию о происхождении человека по мужской и по женской линии, пролить свет на его этническое происхождение и установить наличие родственных отношений между людьми,



не прибегая к помощи документов. ДНК, которая передается из поколения в поколение от родителя к ребёнку, является тем единственным, самым надежным и неуничтожаемым «документом», который изучается при помощи генетического анализа.

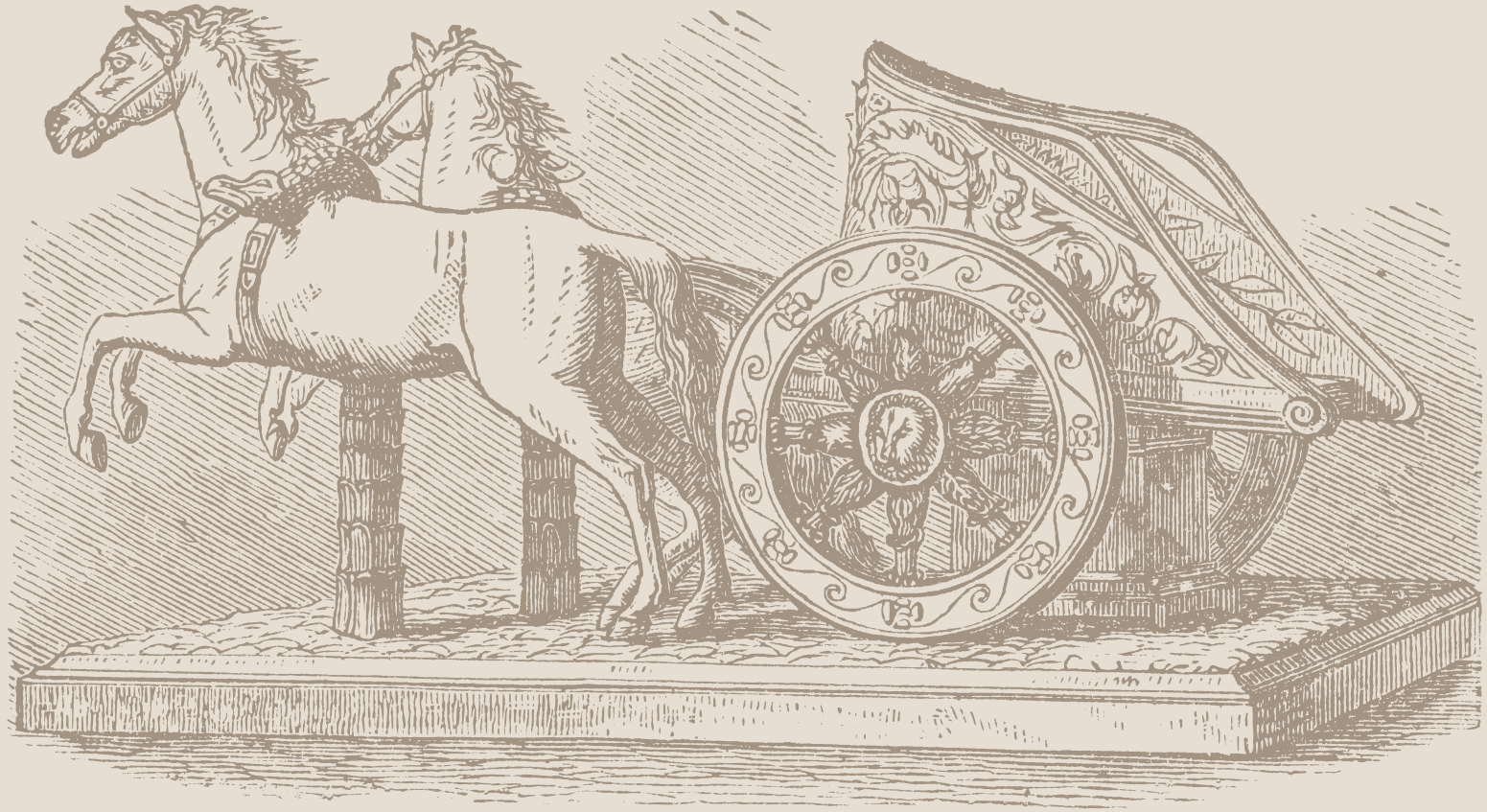
В то же время оценки этнической принадлежности при помощи ДНК анализа подвержены ряду внутренних ограничений, которые в той или иной степени влияют на точность генеалогических исследований. Наука, на которой основаны сегодняшние оценки, продолжает постоянно развиваться и совершенствоваться. Почти любая оценка этнической принадлежности, которую вы получите сегодня, скорее всего будет уточнена в будущем, по мере накопления новых научных данных.

Важно понимать, что оценки этнической принадлежности фундаментально ограничены соответствующими молекулярно-генетическими методами анализа, математическими методами интерпретации данных, а также ограниченным объемом накопленной генетической информации о разнообразных человеческих популяциях из разных точек нашей планеты. С накоплением данных и совершенствованием методов анализа, оценка этнической принадлежности будет все более и более точной.

Необходимо осознавать, что некоторые этнические группы настолько близки, что разницу между ними пока невозможно установить с высокой степенью вероятности. Тут есть несколько причин, одна из которых — это миграция и смешение популяций. Так, на протяжении многих веков население мигрировало по всей территории центральной и западной Европы, перенося свою ДНК из одного места в другое, смешиваясь с местными. Многие человеческие популяции просто не имеют достаточно генетических различий, чтобы, используя современные методы анализа, можно было надежно идентифицировать ДНК тестируемого как принадлежащую только одной из этих популяций. Кроме этого, существуют такие этно-политические категории, принадлежность к которым невозможно определить путем генетического анализа. Например, по результатам генетического анализа, нельзя сказать к какой национальности принадлежит человек, так как национальность — это в первую очередь политическая категория и лишь во вторую — этническая.

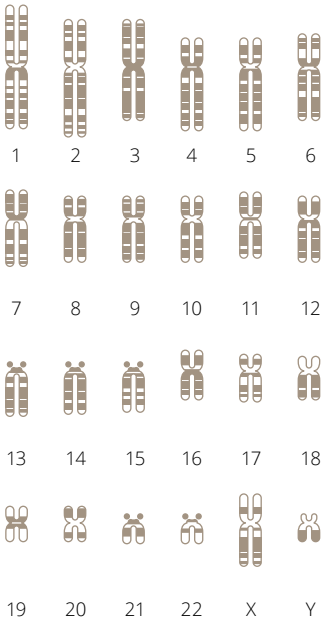
С другой стороны, анализ позволяет с высокой точностью определить вероятную популяцию происхождения исследуемого, как по отцовской, так и по материнской линии и, следовательно, сделать вывод о его возможном этническом происхождении. И хотя из-за миграционных процессов анализ, как правило, не может определить настоящее место проживания исследуемого, но место и популяцию, из которой происходят его предки, можно установить с высокой достоверностью. Имея представление о популяции, из которой происходят предки исследуемого, можно сделать вероятностное предположение о его принадлежности к тому или иному народу (этносу), т.к. народ, в большинстве случаев, представляет собой несколько близкородственных популяций, характеризующуюся общим языком, культурой, территорией проживания и внутрипопуляционными браками.

Исследуя свое этническое происхождение при помощи ДНК анализа, невозможно получить информацию медицинского характера, т.е. узнать о предрасположенности к какому-то заболеванию или наличии какого-то генетического заболевания.



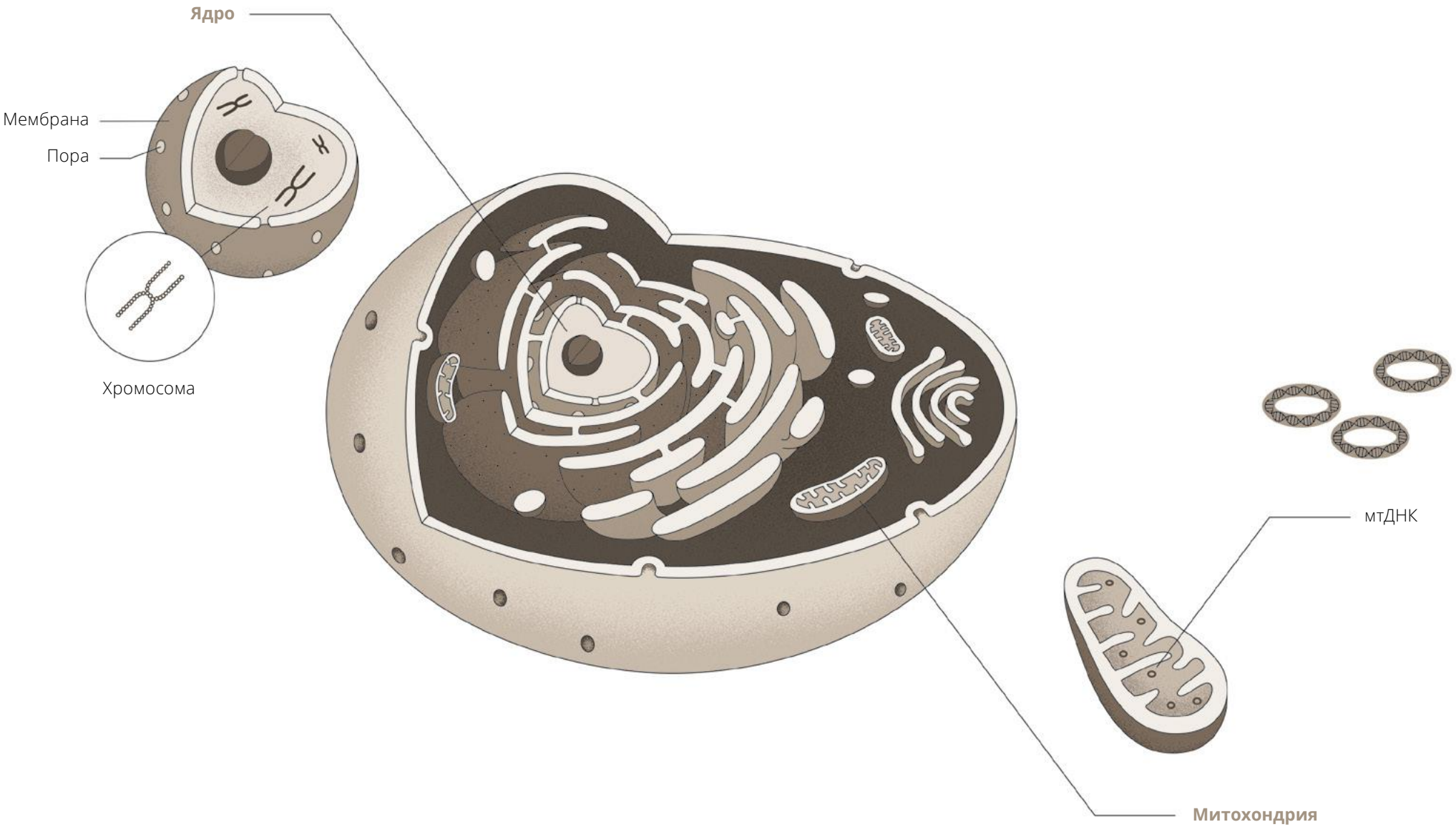
ДНК и как она используется в генеалогических исследованиях

Геном человека — это совокупность наследственного материала, который содержит биологическую информацию, необходимую для построения и поддержания организма.



Геном человека и ДНК

У человека геном состоит из **дезоксирибонуклеиновой кислоты — ДНК**. ДНК — это длинная молекула, состоящая из единиц, называемых **основания**, или **нуклеотиды**. Существует четыре типа нуклеотидов — **аденин (A)**, **гуанин (G)**, **цитозин (C)** и **тимин (T)**. От того порядка, в котором расположены нуклеотиды, зависит информация, кодируемая тем или иным геном. Геном человека состоит из 3.2 миллиарда нуклеотидов и, по разным оценкам, содержит от 20 000 до 25 000 генов. Большинство известных генов кодируют **белки**, но некоторые кодируют молекулы **рибонуклеиновой кислоты (РНК),** которая необходима для регуляции работы генов и синтеза белка в клетке. Более 99,9% ДНК одинакова между людьми, но нескольких отличий в последовательности нуклеотидов между людьми (всего 1,4 миллиона!) достаточно, чтобы сделать каждого из нас уникальным. В среднем человеческий ген имеет 1-3 нуклеотида, которые отличаются от человека к человеку (а ген может состоять из несколько десятков и даже сотен тысяч нуклеотидов). Эти различия могут изменить форму и функцию или же количество вырабатываемого геном белка. У всех людей гены расположены в одинаковом порядке на **хромосомах** — отдельных больших молекулах ДНК. Человеческий геном состоит из 23 пар хромосом, находящихся в клеточном **ядре**. Хромосомы человека различаются в зависимости от того, участвуют ли они в определении пола или нет. Хромосомы, которые не участвуют в определении пола, называются **аутосомы**, а те, которые участвуют – **половые хромосомы** (или **гоносомы**). Всего у человека 22 пары аутосом и одна пара половых хромосом — **X** и **Y**. Генетически нормальные женщины имеют две X хромосомы (т.е. 22 аутосомы + XX), а генетически нормальные мужчины имеют хромосомы X и Y (т.е. 22 аутосомы + XY). Кроме хромосом ДНК присутствует еще в митохондриях, энергетических станциях клетки, которые находятся за пределами ядра — в **цитоплазме**. Эта ДНК называется **митохондриальной ДНК (мтДНК)**. Число митохондрий в клетке непостоянно и зависит от типа клеток – от одной в сперматозоиде, до более тысячи в кардиомиоцитах (клетках сердечной мышцы). В среднем, в клетках насчитывается 200-300 митохондрий, в каждой из которых находится мтДНК. Мы наследуем аутосомы от своих родителей случайным образом – половину мы получаем от отца, а половину от матери. Половые хромосомы наследуются по-другому: женщина наследует X-хромосому от каждого из ее родителей, в то время как мужчина всегда наследует X от своей матери, а Y-хромосому, определяющую пол, от отца. То есть, можно сказать, что Y-хромосома наследуется исключительно по **отцовской линии**. Наследование митохондриальной ДНК абсолютно противоположное. Дети получают мтДНК от своей матери, но только девочки передают ее дальше своим детям. Данный тип наследования называется — наследование по **материнской линии**. Такой «линейный» вид наследования значительно упрощает интерпретацию мтДНК и Y-линий в популяциях. Это наиболее важные участки ДНК с точки зрения исследования этнического происхождения человека и его генеалогии. Более подробно об анализе мтДНК и Y-хромосомы Вы узнаете ниже.


Ядро
Мембрана
Пора
Хромосома
мтДНК
Митохондрия

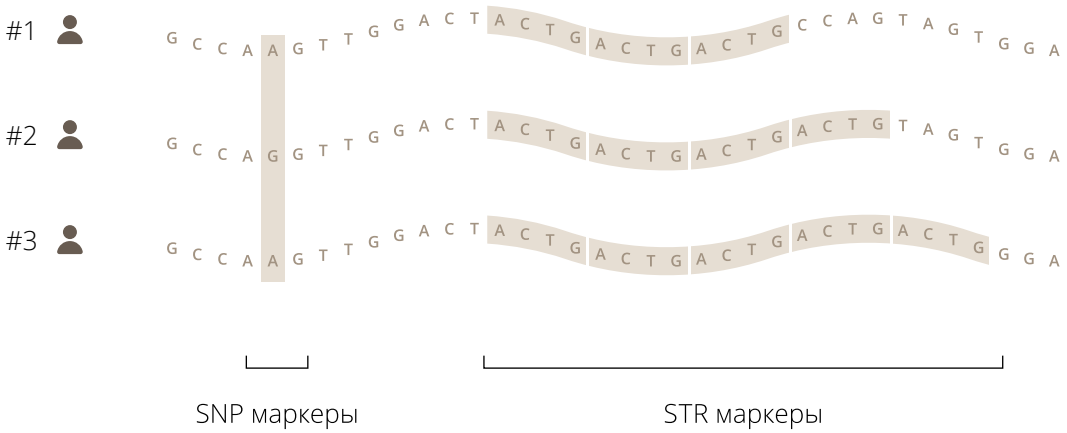
ДНК маркеры и для чего они нужны

Генетический анализ основан на исследовании небольших участков ДНК генома человека, которые называются **ДНК маркеры** или **локусы**. Существуют несколько разных типов ДНК маркеров, но для генеалогических исследований и исследований в области этнического происхождения человека в качестве таких маркеров используются **простые тандемные повторы (STR)** и **однонуклеотидные полиморфизмы (SNP)**. Простой тандемный повтор (от англ. **Simple Tandem Repeats — STR**) представляет собой короткую нуклеотидную последовательность, например GCAG, которая повторяется определенное количество раз: GCAG GCAG GCAG GCAG и т.д. Таких повторов у одного STR может быть до тридцати и более. В геноме человека насчитывается несколько десятков тысяч маркеров данного типа, но для целей установления этнического происхождения используется менее 200.

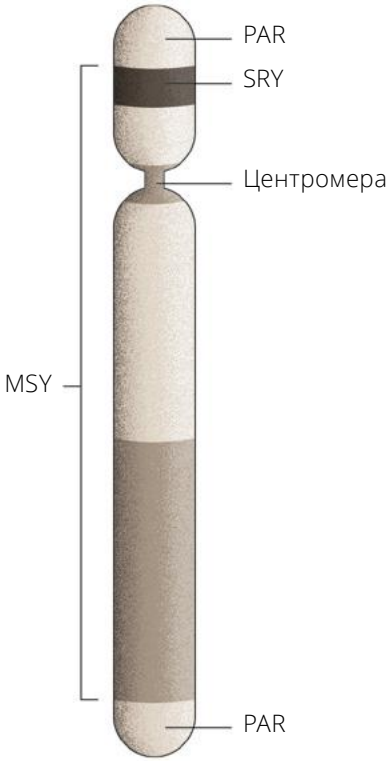
Однонуклеотидный полиморфизм (от англ. Single Nucleotide Polymorphism — SNP) это различия между двумя ДНК последовательностями по одному нуклеотиду. Например, в одном случае последовательность может быть ATTTACGT, а в другом ACTTACGT. В геноме человека имеется более 10 миллионов SNP маркеров. Для целей установления этнического происхождения используется менее 500 маркеров.

Каждый ДНК маркер имеет несколько вариантов, называемых **аллельные варианты**, или просто, **аллели**. У STR маркеров количество повторов определенной нуклеотидной последовательности обозначает номер аллели. Например, аллель 18 говорит о том, что по исследуемому маркеру наблюдается 18 повторов. Один STR маркер может иметь десять и более аллельных вариантов. SNP маркеры, в большинстве случаев имеют только два аллельных варианта (в примере выше это будут аллели T и C), хотя для некоторых маркеров количество аллелей может быть три, или даже четыре.

Если маркеры находятся на одной и той же молекуле ДНК, например хромосоме, или мтДНК, то совокупность наблюдаемых аллелей всех этих маркеров называется **гаплотип** (для митохондриальной ДНК часто употребляют термин **митотип**). Группа схожих гаплотипов называется **гаплогруппа** и считается, что все индивидуумы, принадлежащие к одной гаплогруппе, произошли от одного общего предка.



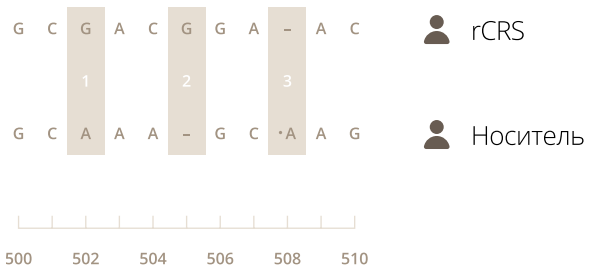
Человеческая Y хромосома



Анализ Y хромосомы

Y-хромосома является одной из двадцати трех пар хромосом, и одной из двух половых хромосом человека (другой является X-хромосома). В то время как у женщины есть две X-хромосомы, у мужчины есть только одна X-хромосома, полученная от его матери и одна Y-хромосома, унаследованная от его отца. Подобно мтДНК, Y-хромосома обладает уникальным типом наследования, что делает ее бесценным для генеалогических исследований: Y-хромосома передается исключительно от отца к сыну, из поколения в поколение, практически без изменений. В отличие от всех других хромосом, Y-хромосома всегда непарная и, за редким исключением, она не обменивается участками ДНК с другими хромосомами при образовании половых клеток (процесс обмена участками между хромосомами называется **рекомбинацией хромосом**)*. Те различия, которые в процессе эволюции накапливаются в Y-хромосоме между разными популяциями человека, происходят в основном за счет **мутаций** (изменений в структуре ДНК) Вследствие этого, отцовская Y-хромосома, почти всегда будет полностью идентична Y-хромосоме его сыновей. Y-хромосома имеет длину около пятидесяти девяти миллионов пар нуклеотидов и является самой маленькой хромосомой человека. Она содержит в себе приблизительно двести генов, включая ген **SRY**, который ответственен за формирование мужского пола. Существуют два основных метода исследования Y-хромосомы — анализ STR маркеров и анализ SNP маркеров. В настоящее время стандартным тестом считается анализ SNP маркеров, который наиболее полно и точно определяет гаплогруппу. Тем не менее, многие лаборатории до сих пор успешно используют для этих целей STR маркеры. В нашей лаборатории, для установления гаплогруппы, мы используем как STR так и SNP маркеры. Полученный гаплотип по Y-хромосоме подвергается биостатистической обработке, в результате чего устанавливается к какой гаплогруппе принадлежит исследуемый образец и место и время ее происхождения. Принцип биостатистической обработки основан на том, что каждая гаплогруппа связана с приблизительным временем и местом, в котором возник основатель этой гаплогруппы, частоте мутаций исследуемых генетических маркеров и современном географическом распределении носителей этой гаплогруппы. Все носители одной гаплогруппы могут проследить свою отцовскую линию до общего предка, который жил в определенном месте несколько тысяч лет назад. В большинстве случаев ученые хорошо представляют себе географический регион, где жили предки носителей исследуемой гаплогруппы Y-хромосомы. При сравнении Y-хромосом двух мужчин результаты анализа могут использоваться для установления сколько лет назад жил их наиболее ранний общий мужской предок. Анализ Y-хромосомы подходит только для мужчин, так как женщины не имеют в своем геноме Y-хромосому.

* Хотя концы Y-хромосомы и X-хромосомы иногда рекомбинируют между собой, то есть обмениваются участками ДНК, эти области Y-хромосомы не используются для генеалогических исследований или определения гаплогруппы.



Определение генотипа мтДНК
№1 – 502A (несовпадение)
№2 – 505– (отсутствующий нуклеотид)
№3 – 508.1A (дополнительный нуклеотид)

Анализ мтДНК

Митохондриальная ДНК представляет собой небольшой кольцевой фрагмент ДНК, длиной приблизительно 16 569 пар нуклеотидов. мтДНК кодирует тридцать семь генов, многие из которых непосредственно участвуют в процессе генерирования энергии для клетки. Детальное изучение мтДНК позволило выделить в ней три основных участка, отличающихся между собой по вариабельности — консервативный участок и **гипервариабельные участки**. Консервативный участок, состоящий из **кодирующей области (CR)**, накапливает мало изменений в структуре ДНК и содержит нуклеотидные последовательности митохондриальных генов. Даже самые небольшие изменения в этом участке могут привести к серьезным, часто неизлечимым, заболеваниям (так называемые «**митохондриальные заболевания**»). Гипервариабельные участки, наоборот, часто подвержены изменениям без каких-либо последствий для здоровья. Именно эти участки, из-за их высокой вариабельности и используются для идентификации человека и для этнического анализа. В мтДНК человека есть два таких участка, называемые гипервариабельной контрольной областью 1 (**HVR1** или **HV1**) и гипервариабельной контрольной областью 2 (**HVR2** или **HV2**).

Наиболее распространенным методом анализа мтДНК является секвенирование, т.е. установление нуклеотидной последовательности ДНК. Для генеалогических исследований и для установления этнического происхождения секвенируют только гипервариабельные регионы HVR1 и HVR2. В результате тестирования получается нуклеотидная последовательность, которая имеет вид, например «...tatcaccctattaa.....» где каждая буква соответствует нуклеотиду в определенной позиции на митохондриальной ДНК. Полученные результаты сравнивают с эталонной последовательностью мтДНК, и любые различия между мтДНК тестируемого образца и эталонной последовательностью идентифицируются и регистрируются. В большинстве лабораторий в качестве эталонной последовательности мтДНК используется **Исправленная эталонная кембриджская последовательность (rCRS)**, однако с 2012 года некоторые лаборатории начали использовать **Реконструированную эталонную последовательность Sapiens (RSRS)**. Обе последовательности имеют свои достоинства, и ученые до сих пор спорят, продолжать ли использовать rCRS или полностью перейти в RSRS. Для анализов результатов мтДНК тестов в нашей лаборатории мы используем rCRS.

Полученный таким образом, гаплотип мтДНК подвергается биостатистической обработке, в результате чего устанавливается к какой гаплогруппе принадлежит исследуемый образец и место и время ее происхождения. Принцип биостатистической обработки основан на том, что каждая гаплогруппа связана с приблизительным временем и местом, в котором возник основатель этой гаплогруппы, частоте мутаций исследуемых генетических маркеров и современном географическом распределении носителей этой гаплогруппы.

Все члены одной гаплогруппы мтДНК могут проследить свою материнскую линию до общего предка, который жил в определенном месте несколько тысяч лет назад. В большинстве случаев ученые хорошо представляют себе географический регион, где жили предки носителей исследуемой гаплогруппы мтДНК. При сравнении мтДНК двух человек результаты анализа могут использоваться для установления того, сколько лет назад жил их наиболее ранний общий женский предок (**Most Recent Common Ancestor, MRCA**).

Несмотря на то, что, как правило, в клетке все молекулы мтДНК одинаковы, в некоторых случаях, в одной из молекул мтДНК может произойти мутация и, таким образом, в клетке будут присутствовать мтДНК с разными нуклеотидными последовательностями. Такое явление называется **гетероплазмия**. Люди или отдельные клетки, с двумя или более различными последовательностями мтДНК являются **гетероплазматическими**, тогда как люди или отдельные клетки с одной последовательностью мтДНК являются **гомоплазматическими**.

Анализ мтДНК можно проводить как мужчинам, так и женщинам, так как клетки и тех и других содержат митохондрии.

Когда исследуемые маркеры находятся на одной и той же молекуле ДНК, например, хромосоме или мтДНК, то совокупность наблюдаемых аллелей всех этих маркеров называется **гаплотип** (для митохондриальной ДНК часто употребляют термин **митотип**). Группа похожих гаплотипов называется **гаплогруппа** и считается, что все индивидуумы, принадлежащие к одной гаплогруппе произошли от одного общего предка. Поскольку гаплогруппа состоит из похожих гаплотипов, в большинстве случаев можно предсказать гаплогруппу по гаплотипам

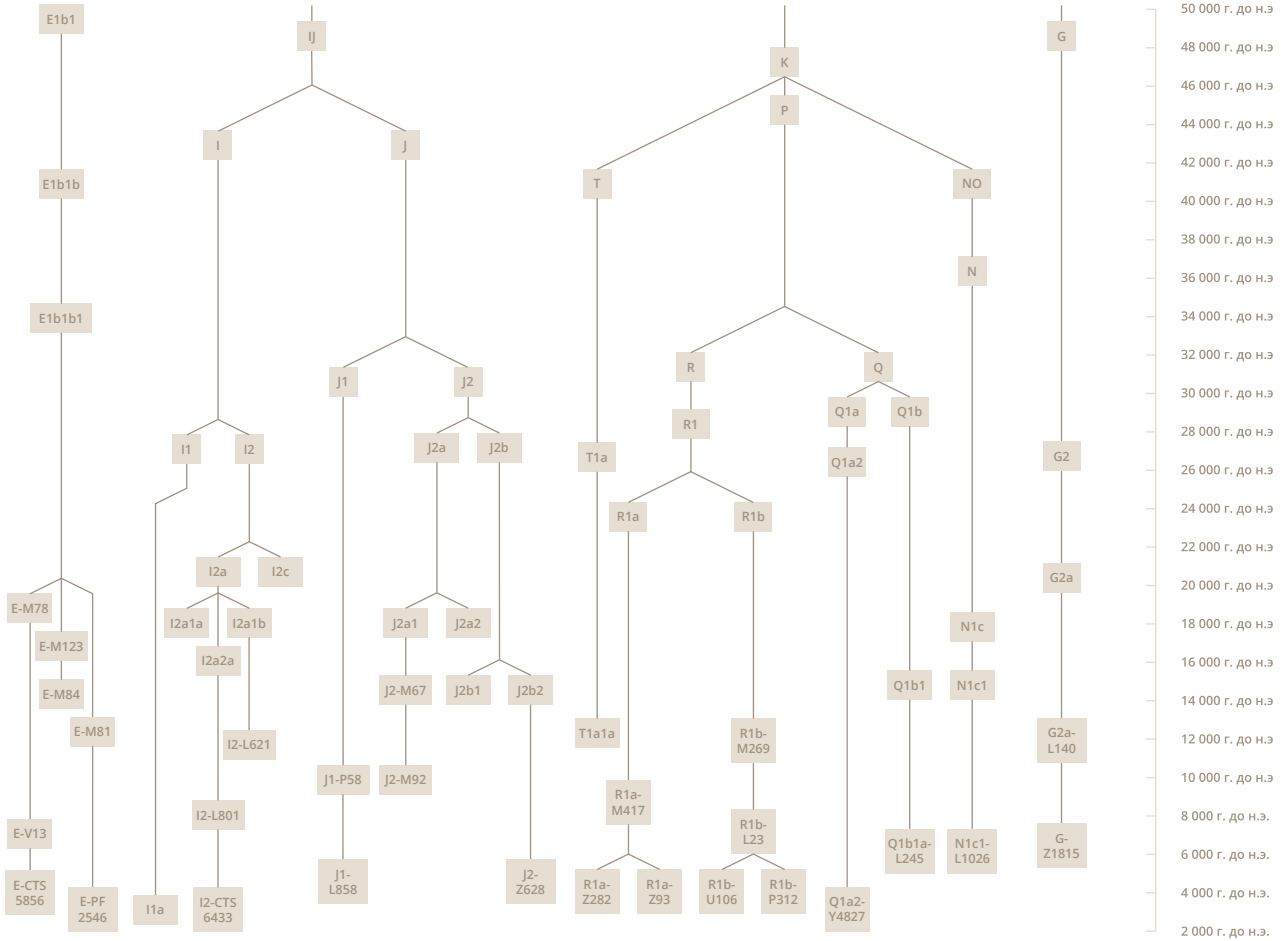
Гаплогруппы по Y-хромосоме и мтДНК обозначаются буквами от A до Z и цифрами (например, гаплогруппа по Y-хромосоме R1a1, или гаплогруппа H15a1a1 по мтДНК). Поскольку гаплогруппы назывались в порядке их открытия, алфавитный порядок не имеет никакого значения с точки зрения фактических генетических отношений между ними. Гаплогруппы подразделяются на подгруппы, которые в свою очередь также подразделяются на подгруппы образуя ветви подгрупп. Иногда в генеалогической литературе встречается терминология клады и субклады, которая используется для обозначения основных групп и подгрупп.

Модель миграции человечества на основе анализа митохондриальной ДНК

L — Митохондриальная Ева, имя, данное в популярной культуре женщине, жившей в Африке около 200 000 лет назад, от которой современное человечество унаследовало митохондриальную ДНК.

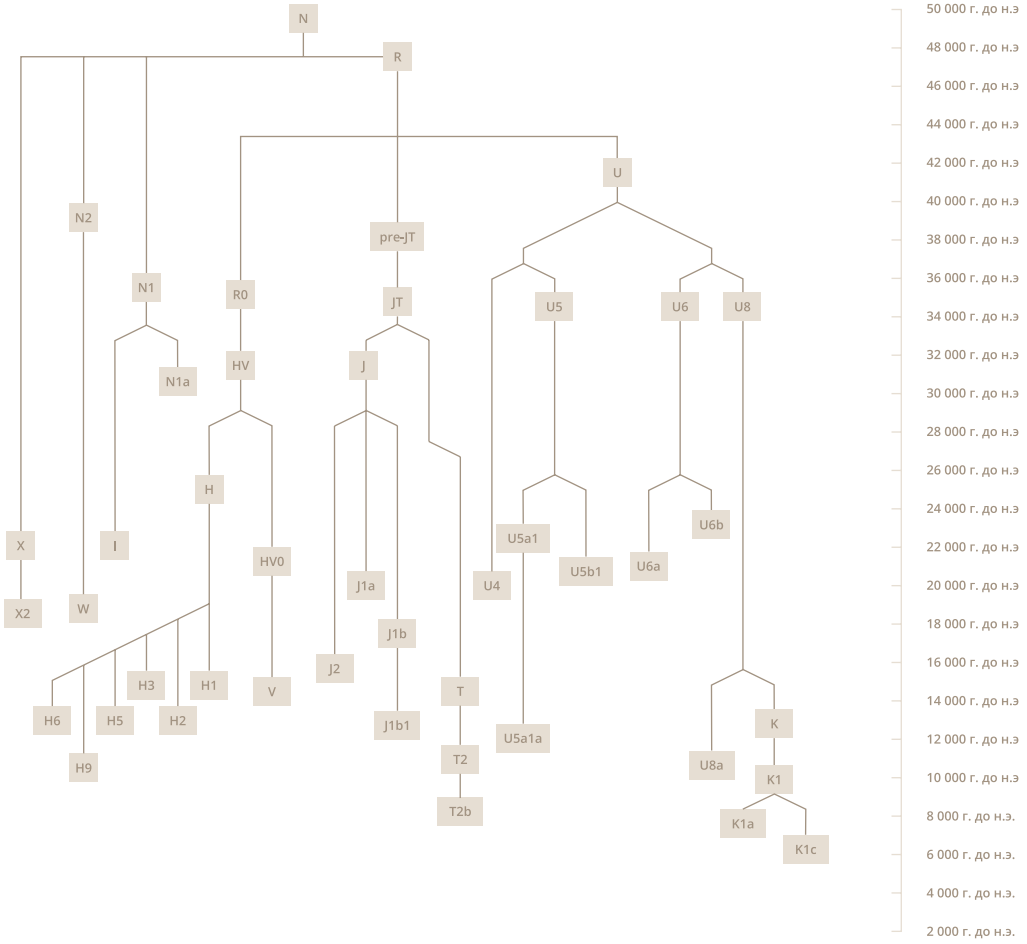
Гаплогруппы, подгруппы и клады

Гаплогруппы Y-хромосомы характеризуются наличием определенных SNP маркеров. Подклады определяются терминальным SNP – самым дальним на филогенетическом дереве Y-хромосомы. Консорциум по изучению Y-хромосомы (Y Chromosome Consortium, YCC) разработал **«длинную» (YCC long-hand nomenclature)** и **«короткую» (YCC short-hand nomenclature)** системы номенклатуры гаплогрупп. Согласно «длинной» системе гаплогруппы обозначаются заглавными буквами от A до T, а для обозначения подгрупп (субкладов), используются цифры и строчные буквы (например R1a1a). Согласно «короткой» номенклатуре гаплогруппы и субклады обозначаются первой буквой основной гаплогруппы за которой следует тире и название определяющего терминального SNP. Международный союз генетиков генеалогов (ISOGG) разработал свою номенклатуру гаплогрупп, которая несколько отличается от «длинной» системы YCC. Номенклатуры гаплогрупп периодически претерпевают изменения, чтобы учесть растущее число обнаруживаемых и тестируемых SNP и, как следствие, расширение филогенетического дерева Y-хромосомы. Эти изменения часто приводят к тому, что в разных источниках те же самые гаплогруппы могут называться по-разному. Таблица соответствия разных номенклатур гаплогрупп Y-хромосомы дана в Приложении 1.



Номенклатура гаплогрупп Y-хромосомы

Как и в случае с Y-хромосомой, гаплогруппы мтДНК характеризуются наличием определенных SNP вариантов в исследуемых последовательностях. мтДНК гаплогруппы обозначаются буквами и цифрами по аналогии с Y-хромосомой (например, K1b2), у людей в одной гаплогруппе будет одинаковые (или очень похожие) последовательности изученных регионов мтДНК.



Номенклатура гаплогрупп мтДНК

Как и в случае с компьютерами и Интернетом, ДНК анализ стал важной составляющей современных генеалогических исследований. Хотя этот инструмент получил доступность лишь относительно недавно, сейчас он является основным источником доказательств для сотен тысяч людей, интересующихся своим происхождением и своей родословной. Вы сегодня тоже присоединились к это большой семье!

Существует большое количество интернет ресурсов, которые помогут вам в дальнейшем исследовании вашего происхождения. Далее приведены некоторые из них.

Рекомендуемые интернет-ресурсы

Гаплогруппа	Возможное время происхождения	Возможное место происхождения	Последний общий предок
A00	235,900 лет назад	Африка	235,900 лет назад
BT	130,700 лет назад	Африка	88,000 лет назад
CT	88,000 лет назад	Африка	68,500 лет назад
F	65,900 лет назад	Евразия	48,800 лет назад
E	65,200 лет назад	Восточная Африка и Азия	53,100 лет назад
G	48,500 лет назад	Средняя Азия	26,200 лет назад
IJ	47,200 лет назад	Средняя Азия	42,900 лет назад
K	47,200 лет назад	Азия	45,400 лет назад
P	45,400 лет назад	Азия	31,900 лет назад
J	42,900 лет назад	Средняя Азия	31,600 лет назад
I	42,900 лет назад	Европа	27,500 лет назад
E-M215 (E1b1b)	42,300 лет назад	Восточная Африка	34,800 лет назад
E-V38 (E1b1a)	42,300 лет назад	Восточная Африка	40,100 лет назад
N	36,800 лет назад	Азия	22,100 лет назад
E1b1b-M35	34,800 лет назад	Восточная Африка	24,100 лет назад
R	31,900 лет назад	Азия	28,200 лет назад
J-M267 (J1)	31,600 лет назад	Средняя Азия	18,500 лет назад
J-M172 (J2)	31,600 лет назад	Средняя Азия	27,800 лет назад
R-M173 (R1)	28,200 лет назад	Азия	22,800 лет назад
I-M253 (I1)	27,500 лет назад	Европа	4,600 лет назад
I-M438 (I2)	27,500 лет назад	Европа	21,800 лет назад
R-M420 (R1a)	22,800 лет назад	Евразия	18,300 лет назад
R-M343 (R1b)	22,800 лет назад	Евразия	20,400 лет назад
I2-L460 (I2a)	21,800 лет назад	Европа	21,100 лет назад

Хронология развития гаплогрупп

Гаплогруппа	Возможное время происхождения	Возможное место происхождения	Последний общий предок
I2a-P37	21,100 лет назад	Европа	18,500 лет назад
E1b1b-M78	19,800 лет назад	Северо-восточная Африка	13,400 лет назад
I2a-M423	18,500 лет назад	Европа	13,500 лет назад
I2a-M223	17,400 лет назад	Европа	12,100 лет назад
N1c-M178	14,200 лет назад	Азия	11,900 лет назад
R1a-M17	14,100 лет назад	Восточная Европа	8,500 лет назад
R1b-M269	13,300 лет назад	Восточная Европа	6,400 лет назад
E1b1b-V12	11,800 лет назад	Северная Африка	9,900 лет назад
E-U175 (E1b1a8)	9,200 лет назад	Восточная Африка	8,500 лет назад
E1b1b-V13	7,600 лет назад	Средняя Азия	5,100 лет назад
E-M191 (E1b1a7)	7,400 лет назад	Восточная Африка	6,400 лет назад
E-U174 (E1b1a-U174)	6,400 лет назад	Восточная Африка	5,300 лет назад
R1b-L151	5,800 лет назад	Восточная Европа	4,800 лет назад
R1a-Z280	5,000 лет назад	Восточная Европа	4,600 лет назад
R1a-M458	4,700 лет назад	Восточная Европа	4,700 лет назад

YCC (Shorthand)	YCC 2002	YCC 2005	YCC 2008	YCC 2010r	ISOGG 2006	ISOGG 2007	ISOGG 2008	ISOGG 2009	ISOGG 2010	ISOGG 2011	ISOGG 2012
E-M10	E3a6	E3a6	E1b1a6	E1b1a6	E3a6	E3a6	E1b1a6	E1b1a6	E1b1a6	E1b1a1a1e	E1b1a1a1e
E-M35	E3b*	E3b	E1b1b1	E1b1b1	E3b1	E3b1	E1b1b1	E1b1b1	E1b1b1	removed	removed
E-M78	E3b1*	E3b1	E1b1b1a	E1b1b1a1	E3b1a	E3b1a	E1b1b1a	E1b1b1a	E1b1b1a	E1b1b1a1	E1b1b1a1
E-M148	E3b1a	E3b1a	E1b1b1a3a	E1b1b1a1c1	E3b1a3a	E3b1a3a	E1b1b1a3a	E1b1b1a3a	E1b1b1a3a	E1b1b1a1c1	E1b1b1a1c1
E-M81	E3b2*	E3b2	E1b1b1b	E1b1b1b1	E3b1b	E3b1b	E1b1b1b	E1b1b1b	E1b1b1b	E1b1b1b1	E1b1b1b1a
E-M107	E3b2a	E3b2a	E1b1b1b1	E1b1b1b1a	E3b1b1	E3b1b1	E1b1b1b1	E1b1b1b1	E1b1b1b1	E1b1b1b1a	E1b1b1b1a1
E-M165	E3b2b	E3b2b	E1b1b1b2	E1b1b1b1b1	E3b1b2	E3b1b2	E1b1b1b2a	E1b1b1b2a	E1b1b1b2a	E1b1b1b2a	E1b1b1b1a2a
E-M123	E3b3*	E3b3	E1b1b1c	E1b1b1c	E3b1c	E3b1c	E1b1b1c	E1b1b1c	E1b1b1c	E1b1b1c	E1b1b1b2a
E-M34	E3b3a*	E3b3a	E1b1b1c1	E1b1b1c1	E3b1c1	E3b1c1	E1b1b1c1	E1b1b1c1	E1b1b1c1	E1b1b1c1	E1b1b1b2a1
E-M136	E3ba1	E3b3a1	E1b1b1c1a	E1b1b1c1a1	E3b1c1a	E3b1c1a	E1b1b1c1a1	E1b1b1c1a1	E1b1b1c1a1	E1b1b1c1a1	E1b1b1b2a1a1
F-M89	F*	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F
F-APT/H-APT	F1	H2	H2	H2	H2	H2	H2	H2	H2	H2	H2
G-M201	G*	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
G-P20	G1	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a	G1a
G-P15	G2*	G2	G2a	G2a	G2	G2	G2a	G2a	G2a	G2a	G2a
G-P16	G2a*	G2a	G2a1	G2a1	G2a	G2a	G2a1	G2a1	G2a1	G2a1	G2a1a1
G-P18	G2a1	G2a1	G2a1a	G2a1a	G2a1	G2a1	G2a1a	G2a1a	G2a1a	G2a1a	G2a1a
H-M52	H*	H1	H1	H1	H1	H1	H1	H1	H1	H1	H1
H-M82	H1*	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a	H1a
H-M36	H1a	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1	H1a1
H-M97	H1b	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2	H1a2
H-M39	H1c	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3	H1a3
I-M170	I*	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I
I-P38	I1*	I1	I	I	I1	I1	I	I	I	I	I
I-P30	I1a*	I1a	I1	I1	I1a	I1a	I1	I1	I1	I1	I1
I-P40	I1a1	I1a1	I1	I1	I1a	I1a	I1	I1	I1	I1	I1
I-M21	I1a2	I1a2	I1a	I1a	I1a2	I1a2	I1a	I1a	I1a	I1a	removed
I-M72	I1a3	I1a3	I1b1	I1b1	I1a3	I1a1a	I1b1	I1b1e	I1b1	I1b1	I1b1a

YCC (Shorthand)	YCC 2002	YCC 2005	YCC 2008	YCC 2010r	ISOGG 2006	ISOGG 2007	ISOGG 2008	ISOGG 2009	ISOGG 2010	ISOGG 2011	ISOGG 2012
I-P37.2	I1b*	I1b	I2a	I2a	-	-	-	-	-	I2a1	I2a1
I-P41.2	I1b1	I1b1	I2a1	I2a2a	-	-	-	-	-	I2a1b1	I2a1b1
I-M26	I1b2*	I1b2	I2a2	I2a1	-	-	-	-	-	-	-
I-M161	I1b2a	I1b2a	I2a2a	I2a1a	-	-	-	-	-	-	-
J-12f2a	J*	J	J	J	-	-	-	-	-	-	-
J-M62	J1	J1a	J1a	J1a	-	-	-	-	-	-	-
J-M172	J2*	J2	J2	J2	-	-	-	-	-	-	-
J-M47	J2a	J2a	J2a1	J2a4a	-	-	-	-	-	-	-
J-M68	J2b	J2b	J2a3	J2a4c	-	-	-	-	-	-	-
J-M137	J2c	J2c	J2a4	J2a4h2a1	-	-	-	-	-	-	-
J-M158	J2d	J2d	J2a5	J2a4h1	-	-	-	-	-	-	-
J-M12	J2e*	J2e	J2b	J2b	-	-	-	-	-	-	-
J-M102	J2e1*	J2e1	J2b	J2b	-	-	-	-	-	-	-
J-M99	J2e1a	J2e1a	J2b2a	J2b2a	-	-	-	-	-	-	-
J-M67	J2f*	J2f	J2a2	J2a4b	-	-	-	-	-	-	-
J-M92	J2f1	J2f1	J2a2a	J2a4b1	-	-	-	-	-	-	-
J-M163	J2f2	J2f2	J2a2b	J2a4b2	-	-	-	-	-	-	-
K-M9	K*	K	K	K	-	-	-	-	-	-	-
K-SRY9138	K1	K1	M2a	M2a	-	-	-	-	-	-	-
K-M70/T-M70	K2	K2	T	T1	-	-	-	-	-	-	-
K-M147	K3	K3	K1	K1	-	-	-	-	-	-	-
L-M20	L*	L	L	L	-	-	-	-	-	-	-
L-M27	L1	L1	L1	L1	-	-	-	-	-	-	-
M-M4	M*	M	M1	M1	-	-	-	-	-	-	-
M-P34	M1	M1	M1a	M1a	-	-	-	-	-	-	-
M-P22	M2*	M2a	M1b1	M1b1	-	-	-	-	-	-	-
M-M16	M2a	M2a1	M1b1a	M1b1a	-	-	-	-	-	-	-
M-M83	M2b	M2a2	M1b1b	M1b1b	-	-	-	-	-	-	-