Происхождение

Дизайн заключения для генетического анализа на гаплогруппы

medical genomics

Происхождение

ДНК исследование по отцовской линии
Исследование Y-хромосомы Иванова И.И.

Уважаемый Иванов Иван! Вы держите в руках Отчет о результатах генетического теста Происхождение. Отчет приоткроет завесу на 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 происхождение человека то, что еще 20 лет назад считалось невозможным. Сейчас генетику можно рассматриваться 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»

Исследуемый:
Иванов И.И.

Исследуемый материал:
Соскоб буккального эпителия (ротовой мазок)

Выделенная гаплогруппа:
R1a1a

Выделенная мутация по Y хромосоме:
M17

Основная рассовая пренадлежность:
Евразийская

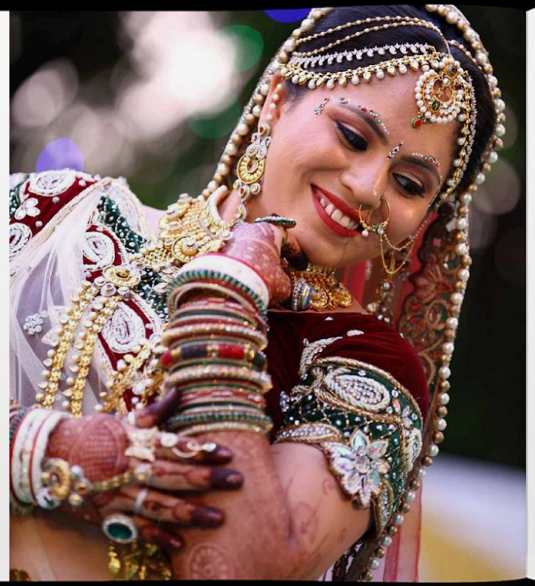
Краткие результаты

В настоящее время наиболее высокие частоты R1a1 находятся в Польше, Украине, Европейской России, Беларуси, Словении, Таджикистан, Пакистан, Афганистан, северо-восточная Германия. Потомки старейших предков гаплогруппы R1a1 живут в настоящее время в Китае. Их общий предок жил примерно 20 тысяч лет тому назад, видимо, в Южной Сибири, где и образовалась также, возможно, гаплогруппа R1b. Более точных сведений пока не имеется. По другим данным это могло произойти в регионе Южной или Средней Азии. В статье «Физическая антропология и этнеиность в Азии: переход от антропометрии к геному», были приведены относительные частоты гаплогрупп, встречающихся у нескольких популяций Китая. Сами гаплотипы не сообщались, но было указано, что гаплогруппа R1a1 встречается у этнических групп Hui, Bolan, Dongxiang и Sala на севере Китая, с частотами 18, 25, 32 и 22%, соответственно, наряду с гаплогруппами DE, C, F*(xK), O, 03, K*(xO,P) и P*(xR). Гаплогруппа R1a1 (точнее, новая мутация M17) появилась примерно 20 тысяч лет назад в южной Сибири, и её носители разделились. Одни мигрировали на запад и дошли до Балкан примерно 12 тысяч лет назад, хотя этот общий предок технически мог относиться к любой части миграционной траектории. Другие носители гаплогруппы R1a1 ушли южнее, в Китай и далее в южную Индию и Пакистан, куда прибыли примерно 12-7 тысяч лет назад.

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 человек 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 поколения от родителя к ребёнку является тем единственным, самым надежным и неуничтожаемым «документом», который изучается при помощи генетического анализа.

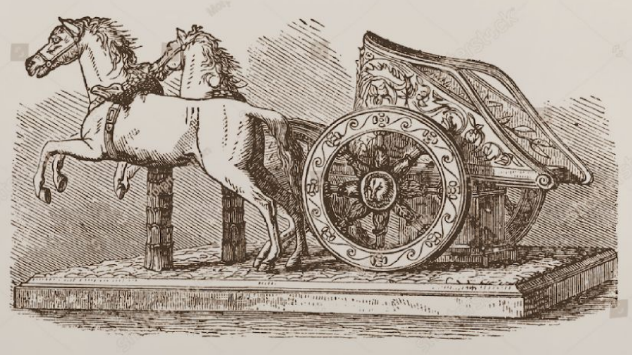
В то же время оценки этнической принадлежности при помощи ДНК анализа подвержены ряду внутренних ограничений, которые в той или иной степени влияют на точность генеалогических исследований. Наука, на которой основаны сегодняшние оценки, продолжает постоянно развиваться и совершенствоваться. Почти наверняка 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.

Также, необходимо осознавать, что некоторые этнические группы настолько близки что разницу между ними пока что невозможно установить с высокой степенью вероятности. Тут есть несколько причин, одна из которых — это миграция и смешивание популяций. Так, на протяжении многих веков население мигрировало по всей территории центральной и западной Европы, перенося свою ДНК из одного места в другое и 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.

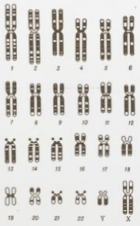
С другой стороны, анализ позволяет с высокой точностью определить вероятную популяцию происхождения исследуемого, как по отцовской, так и по материнской линии и, следовательно, сделать вывод о его возможном этническом происхождении. И хотя из-за миграционных процессов анализ, как правило, не может определить 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 предрасположенность к какому-то заболеванию или наличии какого-то генетического заболевания.



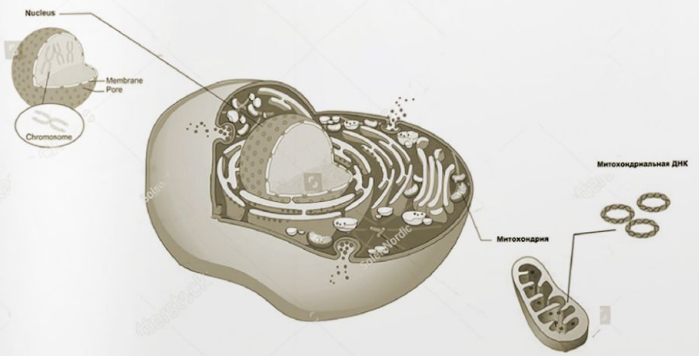
ДНК и как она используется
в генеалогических исследованиях

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 нескольких десятков и даже сотен тысяч нуклеотидов). Эти различия могут изменить форму и функцию или же количество вырабатываемого геном белка. У всех людей все 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 учувствуют 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). Однако, 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, и привели к тому, что 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.

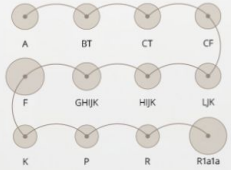


Детальные результаты

Время возникновения:
23000 лет назад

Место возникновения:
Восточная Европа

Последовательность гаплогрупп:



Информация о полученной гаплогруппе

На основе накопленных данных можно реконструировать миграции людей и локализировать 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.

Схематичная иллюстрация человеческих миграций с гаплогруппой R1a1a:

Время и место происхождения

Гаплогруппа R1a1a ответвляется от гаплогруппы R1a во времена последнего ледникового максимума (19 000 лет назад), но точное место происхождения до сих пор неизвестно. Некоторые ученые предполагают, что, возможно, она возникла на Балканах или в районе Пакистана и Северо-Западной Индии, в связи с большим генетическим разнообразием, найденным в этих регионах. Тем не менее разнообразие можно объяснить и другими факторами. Балканы могли стать объектом миграций R1a1 около 7000 лет назад из евразийских степей. Южная Азия имела гораздо большую плотность населения, чем любой другой регион мира (иногда сопоставимо с Китаем), по крайней мере, 10 000 лет назад, и больше населения могло привести к большему генетическому разнообразию. Наиболее вероятным местом происхождения гаплогруппы R1a является Сибирь, а для гаплогруппы R1a1 – Центральная Азия или южная Россия.

Гаплогруппа R1a1, как полагают, была доминирующей гаплогруппой среди северных и восточных прото-индо-европейских народов, которые эволюционировали в индо-иранскую, фракийскую, балтийскую и славянскую ветви. Индо-европейцы распространялись в ямную культуру (3500 до н.э.). Их расширение связано с быстрым распространением бронзового оружия, одомашниванием лошадей в степях Евразии и изобретением колесницы. В южной степной культуре, как полагают, имелись преимущественно R1b1 линии, а в северной лесостепной культуре была существенно доминирующей гаплогруппа R1a1. Первое распространение людей из лесостепи произошло с культурой шнуровой керамики. Миграции носителей R1b Центральной и Западной Европы способствовали распространению носителей гаплогруппы R1a1 в южной степи во времена катакомбной культуры (2800 лет до н.э.). Происхождение этой культуры очевидно связано с культурой шнуровой керамики и обильным использованием боевых топоров – две наиболее характерных особенности культуры шнуровой керамики. Этот процесс также мог начаться при сатемизации индо-европейских языков.

Тестирование древних ДНК подтвердило наличие гаплогруппы R1a1 в останках из культуры шнуровой керамики в Германии (2600 лет до н.э.), у тохаров (2000 лет до н.э.) на северо-западе Китая, из погребений курганной культуры (около 1600 до н.э.) от андроновской культуры на юге России и на юге Сибири, а также из различных культур железного века на территории России, Сибири, Монголии и Центральной Азии.

Исторически сложилось, что никакая другая часть Европы не была захвачена большее количество раз, чем степные Балканы. Хронологически первые захватчики R1a1 пришли на запад с расширением культуры шнуровой керамики (от около 3200 до н.э.), вторые - вторжение микенских греков (1600 до н.э.), затем фракийцев (1500 до н.э.), иллирийцев (около 1200 до н.э.), гуннов и алан (400 н.э.), авар, болгар и сербов (все около 600 н.э.), мадьяры N1c1 (900 н.э.). Эти народы вышли из разных мест евразийских степей, в регионе между Восточной Европой и Центральной Азией, что объясняет почему такие высокие разнообразие STR находится в пределах Балканского R1a1 в настоящее время. Это пока не представляется возможным определить этническое происхождение для каждой ветви гаплогруппы R1a1, кроме того, что R1a1 связаны со степями Восточной Европы.

Смоленская область

Дата: 3100 г. до н.э.
Археологическая культура: Сертейская
Степень родства: Низкая

Северная Германия

Дата: 1200 г. н.э.
Археологическая культура: н/д
Степень родства: Высокая

Германия

Дата: 1200 г. до н.э.
Археологическая культура:
Полей погребальных урн
Степень родства: Низкая

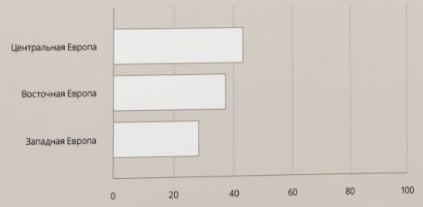
Монголия

Дата: 100 г. н.э.
Археологическая культура: н/д
Степень родства: Низкая

Распространение в историческом контексте

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

Распространение сейчас



Ниже приведены выдающиеся личности, у которых была определена та же самая гаплогруппа, что и у Вас. Это значит, что как минимум, вы имели общих дальних предков с этими легендами истории, а может быть вы прямой потомок одного из них. Для более точной информации необходимо провести сравнительный анализ. Помните, зная свою историю (историю своего рода) — вы можете лучше познать себя!

Известные носители данной гаплогруппы

Никола Тесла

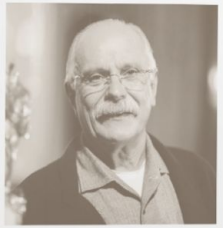
10 июля 1856 - 7 января 1943
Изобретатель в области электротехники и радиотехники сербского происхождения, инженер, физик. Широко известен благодаря своему вкладу в создание устройств, работающих на переменном токе, многофазных систем, синхронного генератора и асинхронного электродвигателя, позволивших совершить так называемый второй этап промышленной революции.

Том Хэнкс

Родился 9 июля 1956
Американский актёр, продюсер, режиссёр, сценарист и писатель. Начинал свою актёрскую карьеру с ролей на телевидении и комедийных фильмов, прежде чем добился признания в качестве драматического актёра, и получил две премии «Оскар» в категории «Лучшая мужская роль» — за главные роли в фильмах «Филадельфия» и «Форрест Гамп».

Биньямин Нетаньяху

Родился 21 октября 1949
Государственный и политический деятель Израиля. Премьер-министр Израиля в период с 1996 по 1999 год, действующий премьер-министр Израиля (с 2009 года). Лидер партии Ликуд (1993—1999 и с 2005). В общей сложности, 3 раза занимал должность министра финансов Израиля, с поста которого 9 августа 2005 года ушёл в отставку в знак протеста против вывода израильских поселений из Сектора Газа. В декабре 2005 года стал Лидером оппозиции в Кнессете.



Никита Михалков

Родился 21 октября 1945
Советский и российский кинорежиссёр, актёр, сценарист и продюсер. Народный артист РСФСР. Полный кавалер ордена «За заслуги перед Отечеством». Председатель Союза кинематографистов России. Трижды лауреат Государственной премии Российской Федерации. Кинонаграды: «Оскар» (1995), «Золотой лев» (1991), Гран-при Каннского кинофестиваля (1994), «Специальный лев» (2007), ТЭФИ, Золотой орёл.

Том Хэнкс

Родился 9 июля 1956
Американский актёр, продюсер, режиссёр, сценарист и писатель. Начинал свою актёрскую карьеру с ролей на телевидении и комедийных фильмов, прежде чем добился признания в качестве драматического актёра, и получил две премии «Оскар» в категории «Лучшая мужская роль» — за главные роли в фильмах «Филадельфия» и «Форрест Гамп».

Что дальше?