

Genesis: исторические исследования

Правильная ссылка на статью:

Нилогов А.С. Y-хромосомные предки: к проблеме генетико-генеалогической номинации // Genesis: исторические исследования. 2024. № 6. DOI: 10.25136/2409-868X.2024.6.43555 EDN: JBURWM URL: https://nbpublish.com/library_read_article.php?id=43555

Y-хромосомные предки: к проблеме генетико-генеалогической номинации

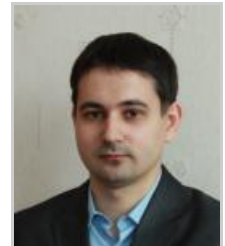
Нилогов Алексей Сергеевич

кандидат философских наук

действительный член (академик), Академия философии хозяйства (Москва); председатель, Южно-Сибирское историко-родословное общество (Абакан); член Совета, Российская генеалогическая федерация; член Региональной общественной организации Красноярского края "Союз краеведов Енисейской Сибири"

655017, Россия, республика Хакасия, г. Абакан, ул. Щетинкина, 23, каб. 23

✉ nilogov1981@yandex.ru



[Статья из рубрики "Вспомогательные исторические дисциплины"](#)

DOI:

10.25136/2409-868X.2024.6.43555

EDN:

JBURWM

Дата направления статьи в редакцию:

11-07-2023

Аннотация: В статье рассматривается проблема номинации патрилинейных сопредков, определяемых на основе полногеномного секвенирования мужской половой Y-хромосомы. В результате выявления необратимых мутаций (однонуклеотидных полиморфизмов) становится возможным именование наших далёких пращуров с помощью индексов SNP-маркеров. Ранее обосновав метод «снимования как именованья», мы увеличили номинативную ретроспективу по реконструкции филогенетических и генеалогических линий. Благодаря использованию индексальных имён Y-хромосомных мутаций удалось косвенным способом восполнить имена собственные тех сопредков, которые жили ранее сохранившегося архивно-документального фонда генеалогических источников. Речь идёт об ономафикации как процессе воскрешения имён предков, чьи генетические следы возникли в наших Y-хромосомах в виде снип-мутаций, по сути атрибутируя конкретного мужского прародителя, у которого впервые случился необратимый нейтральный ОНП. Молекула

ДНК подобно биологическому документу содержит информацию о нашем происхождении на сотни тысяч лет вглубь, являясь генетическим кладбищем удачливых пращуров. Чем больше человеческих Y-хромосом будет секвенировано, тем больше имён собственных мужских предков будет реконструировано на Y-гаплотреве. Несмотря на то обстоятельство, что номенклатура SNPs постоянно меняется, в том числе за счёт синонимизации обозначений в зависимости от разработчиков и лабораторий, непреложным остаётся факт номинативной реконструкции наших филогенетических сопредков посредством масштабного полногеномного секвенирования. На примере генетико-генеалогической (генетеалогической) реконструкции патрилинии автора показаны перспективы комплексного (междисциплинарного) исследования человеческого патрилинейного родства.

Ключевые слова:

Y-хромосома, мутация, генеалогия, ДНК-генеалогия, гаплогруппа, Y-хромосомный Адам, SNP-маркеры, гаплотрево, субклад, филогения

Движение назад во времени в поисках предков может иметь вполне оправданную цель. Эта цель – великий предок всего живого, и мы придём к нему независимо от того, с кого начнём путешествие: со слона или орла, стрижа или сальмонеллы, секвойи или человека. Обратная и прямая хронология хороши каждая для своей цели. Двигаясь в прошлое, мы, независимо от точки старта, придём к моменту единения всего живого.

Р. Докинз [\[1, с. 19\]](#)

Геном белого медведя, пингвина, каймана или гуанако представляет собой экологическое сообщество генов, процветающих в присутствии друг друга. В краткосрочной перспективе ландшафтом совместного процветания выступает клетка. В долгосрочной перспективе – это генофонд. У существ, размножающихся половым путём, генофонд представляет собой ареал обитания генов, которые копируются и подвергаются рекомбинации по мере смены поколений.

Р. Докинз [\[1, с. 542\]](#)

За сотни миллионов лет свершается так много эволюционных преобразований, что предок, выглядящий как рыба, даёт начало потомку, выглядящему как землеройка. А за миллиарды лет – так много, что предок, похожий на бактерию, даёт начало потомку, похожему на меня или на вас.

Р. Докинз [\[2, с. 204\]](#)

ДНК безразличны наши судьбы и имена. ДНК просто есть. А мы пляшем под её дудку.

Р. Докинз [\[3, с. 173\]](#)

Я наугад выбрал 250 мистеров Сайксов из Йоркшира и соседних к нему Ланкашира и Чешира и написал им письма с просьбой прислать материал для исследования ДНК. Посольку и я сам ношу ту же фамилию, мне казалось, что обращение к другим Сайксам не будет воспринято ими как вторжение в личную жизнь. В каждый конверт я вложил щёточку для ДНК и примерно через месяц получил шестьдесят образцов ДНК Сайксов. <...> Однако, когда я окончил расшифровку, результат меня поразил. У доброй

половины всех Сайксов из Йоркшира, Ланкашира и Чешира, приславших пробы, структура Y-хромосомы полностью совпадала. Такому удивительному и неожиданному феномену могло быть только одно объяснение: те участники исследования, включая сэра Ричарда и меня самого, у кого структура Y-хромосомы совпала, имели общего предка.

Б. Сайкс [\[4, с. 19, 21\]](#)

Отголоски из прошлого, эхом доносящиеся от наших предков, гораздо легче интерпретировать по митохондриальной ДНК и Y-хромосоме, чем по бесконечно меняющимся хромосомам ядра.

Б. Сайкс [\[4, с. 173\]](#)

...хотя у каждого ныне живущего человека (а также, в данном контексте, у каждого зверя и птицы) на Земле были предки, это вовсе не означает, что у каждого найденного ископаемого существа обязательно имеются современные нам потомки.

Б. Сайкс [\[5, с. 118\]](#)

Несомненно, что ДНК – это физический объект, который в буквальном смысле слова передаётся от поколения к поколению, но в данном случае этот объект важен скорее благодаря тому, что является символом или знаком общности происхождения, о котором он свидетельствует, чем благодаря химическому обмену организма, который он непосредственно контролирует.

Б. Сайкс [\[5, с. 296\]](#)

Архивные записи могут сгореть в пожаре, их могут съесть термиты, уничтожить плесень и сырость, наконец, они могут быть утеряны. ДНК способна заполнить эти пробелы, возникающие в архивах на местах пропавших документов. Она помогает компенсировать недолговечность, присущую записям, сделанным с помощью пера и бумаги, но есть множество людей, для которых полное отсутствие каких бы то ни было письменных документов объясняется не стечением обстоятельств, а намеренным преданием каких-то фактов забвению. В этих случаях ДНК не просто полезное дополнение к традиционным методам генеалогии. Она превращается в единственную физическую связь с прошлым.

Б. Сайкс [\[5, с. 298\]](#)

Родство, и только оно одно, должно быть использовано и для реконструкции филогенеза, и для классификации организмов.

В. Хенниг – М. Винарский [\[6, с. 107\]](#)

Мы постепенно приближаемся к воплощению великой мечты – построению универсального древа жизни, связывающего в рамках одной генеалогии все создания, большие и малые, вымершие и ныне живущие.

М. Винарский [\[6, с. 118\]](#)

По мне, о родстве вернее говорит последовательность ДНК. В ДНК накапливаются тысячи мутаций, они возникают независимо друг от друга и не влияют ни на облик, ни на повадки животного. В морфологических чертах, напротив, заключаются средства выживания, поэтому те или иные измерения признаков отражают адаптивные

возможности животного. Кроме того, признаки могут быть взаимно увязаны друг с другом – взяв два признака, никогда нельзя быть уверенным в их независимости.

Так как в случае с ДНК мы имеем дело с множественными независимыми и случайно варьирующими признаками, то реконструкции получаются существенно более устойчивыми, чем основанные на морфологических вариациях. И даже больше – на базе ДНК можно получить время расхождения потомков с общим предком, чего никак нельзя сделать по морфологии. Ведь количество изменений в ДНК – это в основном функция времени, по крайней мере если речь идёт о группе родственных видов.

С. Пэабо [\[7, с. 102-103\]](#)

Как можем мы представить события, происходившие миллионы, а во многих случаях и миллиарды лет назад? К сожалению, нельзя расспросить очевидцев – никого из нас не было тогда на свете. Большую часть времени не было не только ни одного говорящего существа, но и ни одного существа, которое имело бы рот и даже голову. Хуже того, животные, которые жили в те времена, умерли и погребены так давно, что от тел лишь немногих из них вообще хоть что-то осталось. Если задуматься о том, что более 99% всех когда-либо живших видов к настоящему времени вымерло, что лишь очень малая их доля сохранилась в ископаемом виде и что ещё меньшую долю от этой доли удастся найти, то может показаться, что любые попытки познать наше прошлое изначально обречены на провал.

Н. Шубин [\[8, с. 11-12\]](#)

Все согласятся, что их родословная где-то начинается, но весь вопрос в том, где именно её начало.

Н. Шубин [\[8, с. 238\]](#)

Подумайте, каковы шансы, что, гуляя по какому-нибудь случайно выбранному на нашей планете кладбищу, я обнаружу могилу своего предка? Они крохотны. Что я действительно могу обнаружить, так это то, что все люди, похороненные на любом кладбище – где бы оно ни находилось, в Китае, в Ботсване или в Италии, – в разной степени приходятся мне родственниками. Это можно узнать, исследуя их ДНК с помощью одной из многих продвинутых методик, применяемых сегодня в следственной экспертизе. Я могу убедиться в том, что одни из тех, кто покоится на этом кладбище, состоят со мной в далёком родстве, а другие приходятся мне довольно близкими родственниками. Построенное на основании таких данных родословное древо пролило бы немало света на моё прошлое, на историю моего рода.

Н. Шубин [\[8, с. 240-241\]](#)

Бактерии мыслят группами, штаммами, ветвями генетического древа.

Н. В. Кукушкин [\[9, с. 105\]](#)

Моя любимая точка отсчёта «примечательности» человеческой родословной начинается с эукариогенеза.

Н. В. Кукушкин [\[9, с. 477\]](#)

Древо жизни – это совокупность целых организмов (а не только их геномов). Графически оно в самом деле похоже на дерево, ветви которого, правда, могут иногда и сливаться.

С. А. Ястребов [\[10, с. 445\]](#)

Обычному человеку может быть нелегко совместить с наглядными представлениями о мире тот факт, что его личный прямой предок – ничуть не менее прямой, чем дед или прадед, – когда-то, пару миллиардов лет назад, был одноклеточным жгутиконосцем, похожим на колледиктиона. Но, судя по всему, это чистая правда. Как сказал герой известной пьесы Григория Горина: «Это гораздо больше, чем факт. Так оно и было на самом деле».

С. А. Ястребов [\[10, с. 550\]](#)

Поэтому на основании принципа естественного отбора, сопровождаемого дивергенцией признаков, представляется вероятным, что от какой-нибудь подобной низкоорганизованной и промежуточной формы могли развиваться как животные, так и растения; а если мы допустим это, мы должны допустить, что и все органические существа, когда-либо жившие на Земле, могли произойти от одной первобытной формы.

Ч. Р. Дарвин [\[11, с. 580\]](#)

Новый уровень ДНК-генеалогической (генетико-генеалогической, генетеалогической) верификации поставил под методологический вопрос классическое документально-архивное родословие, так как под родословной понимается прежде всего биологическое (генетическое, филогенетическое) родство.

Написать это исследование меня подвигла книга британского дарвиниста Ричарда Докинза «Рассказ предка», в которой автор рассказал о наших общих сопредках от современности до истока возникновения жизни. Данная работа будет посвящена роду Нилоговых, который реконструирован на основе комплексной генетико-генеалогической методологии.

SNP-мутации (снип-мутации, SNP-маркеры)^[1] как способ номинации наших далёких предков – это на сегодняшний день единственная возможность выделить из конечного, но нерасчленённого, числа Y-хромосомных пращуров конкретных биологических носителей этих точечных нуклеотидных замен, которые случились в то или иное время по пути передачи мужской половой хромосомы по прямой линии в цепи «предок – потомок» подобно фамилии, родовому имени^[2].

Укоренение филогенетического Y-древа всё ещё нуждается в фундаментальном изучении популяционных генетиков и ДНК-генеалогов (генетических генеалогов, генетеалогов)^[3]. В своём исследовании мы будем вести отсчёт от общих предков современных мужчин (*Homo sapiens sapiens*) с вымершим денисовским человеком (*Homo sapiens denisova*, *Homo sapiens altaiensis*). Принадлежа к отряду приматов, семейству гоминид, подсемейству гоминин, роду люди, виду человека разумного, между нашими подвидами существует генетическая связь как по ядерному, так и митохондриальному геномам^[4]. В данном случае пойдёт о ядерной ДНК, а конкретно – о геноме Y-хромосомы, референсный образец которой насчитывает более 62 миллионов нуклеотидов (актуальный референс – T2T (CP086569.2)^[15]). В этой нуклеотидной последовательности – патрилинейная история наших предков, сохранившаяся в виде точковых мутаций, по-другому называемых однонуклеотидными полиморфизмами (SNP). Возникнув случайным образом у наших далёких предков, эти генетические мутации передались нам по наследству в виде биологической родословной, которая подобна родовому кладбищу

реплицирует память об удачливых пращурах, кому, выражаясь тафономически, повезло *именно таким способом* сохраниться в потомках. ДНК содержит в себе огромный массив информации о предках человека, тех персон фамильных линий и их взаимосвязей хромосомного родства, которые так тщательно исследует генеалогия по сохранившимся документам в архивах. В ДНК эти данные сохранились в человеке, они не подвержены уничтожению в результате чрезвычайных ситуаций и не требуют особых условий хранения в отличие от бумажных документов^[5].

Если же посмотреть на проблему с точки зрения всего человеческого генома, то окажется, что в нашем хромосомном наборе будет отсутствовать генетический материал многих наших биологических предков. Дело в том, что в процессе мейоза^[6] (деления клетки) происходит так называемый кроссинговер (пересечение, перекрёст), то есть обмен участками гомологичных (парных) хромосом, в результате чего количество возможных сочетаний увеличивается в разы, что и обеспечивает такое разнообразие людей. Однако со временем перетасовка в геноме приводит к такому состоянию, при котором теряется предковый генетический материал, размываясь тем сильнее, чем глубже в историю.

Поскольку Y-хромосома лишь частично подвержена кроссинговеру с парной половой X-хромосомой, постольку SNP-мутации в ней гарантируют память о филогенетических предках. С другой стороны, исследователям родословной не стоит обольщаться насчёт того, что их труд не пропадёт даром, который по достоинству оценят благодарные потомки. Законы природы непреодолимы, поэтому нас всех ждёт тотальное вымирание, забвение и распад. Ни генов, ни мемов после нас не останется: ни в популяции/эволюции, ни в культуре/семиосфере мы не сможем наследить на миллионы и миллиарды лет. Однако если человечество станет фактором космической эволюции, преодолевая энтропию^[7], то это позволит нам максимально долго продлить следы своего бывания во Вселенной.

Изучение генеалогии – это частная практика борьбы с энтропией забвения в символической сфере памяти. Генеалогическая схема – это упорядоченная структура памяти предков, которая, пронзая прошлое, устремляется в будущее. Наш негэнтропийный (антропийный) долг – воскрешать имена собственные предков (ономафикация) в общем деле воскрешения отцов (патрофикация) и вообще всей жизни (витафикация), а конкретно – посредством секвенирования их геномов в виде цифровых копий. В соответствии с дарвиновской эволюцией^[8] живым организмам важно успеть встроиться в биологическую цепь «предок – потомок»; даже немногие *homo sapiens sapiens* в состоянии выжить в мире культуры, где память не генетическая и энтропийная, а меметическая и негэнтропийная (антропийная).

Наша филогенетическая история начнётся с таких основополагающих научных понятий, как «most recent common ancestor» (MRCA) и Y-MRCA. Итак, приведём определение первого термина в английском варианте: in biology and genetic genealogy, the most recent common ancestor (MRCA), also known as the last common ancestor (LCA) or concestor, of a set of organisms is the most recent individual from which all the organisms of the set are descended. The term is also used in reference to the ancestry of groups of genes (haplotypes) rather than organisms»^[21]. В переводе на русский язык этот термин дословно означает «самый последний общий предок», однако в русскоязычной среде используется эквивалент «ближайший общий предок» (БОП), или «последний общий предок» (ПОП)^[22].

Итак, в биологии и генетической генеалогии (ДНК-генеалогии, молекулярной генеалогии, молекулярной истории) самый последний общий предок (MRCA), также последний общий предок (LCA) или сопредок, это из множества ранее существовавших организмов – самая последняя особь, от которой произошло множество современных организмов. Согласно современным эволюционным представлениям вся земная жизнь имеет общее происхождение. Этот фундаментальный принцип играет роль в биологической систематике: согласно кладистическому подходу, любой биологический таксон следует строить таким образом, чтобы он объединял в себе все виды, происходящие от одного общего предка» [22].

Второй важный для нас термин – Y-MRCA: in human genetics, the Y-chromosomal most recent common ancestor (Y-MRCA, informally known as Y-chromosomal Adam) is the patrilineal most recent common ancestor (MRCA) from whom all currently living humans are descended (в генетике человека самый последний общий предок по Y-хромосоме (Y-MRCA, неофициально известный как Y-хромосомный Адам [9]) является самым последним общим предком по отцовской линии (MRCA), от которого произошли все ныне живущие люди) [10] [21].

Итак, Y-хромосомный Адам – это реконструкция ближайшего общего патрилинейного предка для подвида *Homo sapiens sapiens*, а также для всего вида *Homo sapiens*, включая неандертальцев (*Homo sapiens neanderthalensis*) и денисовцев (*Homo sapiens denisova*), и, естественно, для всего рода *homo*, включая такие ископаемые виды людей, как гейдельбергский человек (*Homo heidelbergensis*) и человека прямоходящего (*Homo erectus*) [11]. Y-MRCA, Y-chromosomal Adam, Y-Adam – синонимичные термины, хотя зачастую под Y-хромосомным Адамом понимают только патрилинейного ближайшего общего предка всех ныне живущих людей. Однако если мы включаем неандертальцев и денисовцев в вид *Homo sapiens*, то, на наш взгляд, Y-хромосомным Адамом должен считаться патрилинейный ближайший общий предок всех ныне живущих людей и вымерших неандертальцев и денисовцев. Не исключено, что в будущем будут обнаружены другие вымершие подвиды людей или сохранившиеся реликтовые линии, прошедшие бутылочное горлышко, которые также окажут калибровку этого археогенетического понятия [12].

По Brad Larkin [26], имеются данные об общих мутациях вплоть до семейства гоминидов, в частности, с современными шимпанзе, генетически самыми близкими к нам среди отряда приматов. Chimpanzee Last Common Ancestor (CHLCA) – Humans, Denisovans, and Chimpanzee ancestral alleles all match on this last ancestor of humans and chimps. Ларкин приводит конкретный SNP (Hg38) 2784300 на Y-хромосоме, а именно мутацию G > C. CHLCA – это ближайший общий предок современных людей, включая вымерших неандертальцев и денисовцев, а также современных шимпанзе. По аналогии с номенклатурой ISOGG этот сопредок должен образовать гаплогруппу A00000-T, правда, нам ещё не встречалась такая гаплогруппная номинация.

DNA Marker Index data for Marker: CHLCA on Chromosome: Y								
Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ¹	Derived ²	Chromosome	Position (hg38)	Position (hg19)	
CHLCA	Humans, Denisovans, and Chimpanzee ancestral alleles all match on this last ancestor of humans and chimps. hg38 Ref is G. Phylogenetic Children: HomoErectus	Brad Larkin 2018	G	C	Y	2784300	2652341	

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/CHLCA> [26]

Phylogenetic Ancestral Tree for marker [MF203292] on Chromosome Y (Tree 2581349)			
Tree Level	Marker / Branch Name	Alternative Names	Notes
1	HomoErectus	hg38:21292569-T-G	Human and Denisovan diverge from ancestral allele T found in chimpanzees at this position. hg38 Ref is G.
2	Heidelbergensis	A8835	Presumed Y Ancestor of Humans and Neanderthals. ISOGG calls this haplogroup A000-T.
3	YAdam	hg38:2844421-A-G	Ancestral allele in chimpanzee is A implying this is probably a human-defining SNP for hom sapiens. hg38 Ref is G. Believed coincident with PR2921. ISOGG calls this haplogroup A00-T.
4	L1085	A0-T hg38:2922685-T-C	Defining mutation for near-root haplogroup A0-T (aka A0'T2'3'4). That is to say father of ALL modern Y-DNA lineages except A00. hg38 Ref does not match ancestral allele value.

<https://www.genetichomeland.com/welcome/dnapedigree.asp?snp=MF203292&Chromosome=Y&snp2=&DB=0> [26]

Нисходящее звено – это ближайший общий предок для современных людей, включая вымерших неандертальцев, и денисовцев, которого Ларкин обозначает Homo Erectus (Human and Denisovan diverge from ancestral allele T found in chimpanzees at this position). Ларкин приводит конкретный SNP (Hg38) 21292569 на Y-хромосоме, а именно мутацию T > G. По номенклатуре ISOGG это должна быть гаплогруппа A0000-T, однако в таком виде термин ещё не вошёл в научный оборот. На сегодняшний день имеется такое рабочее обозначение корня древа (root) для Y-Adam.

DNA Marker Index data for Marker: HomoErectus on Chromosome: Y							
Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ¹	Derived ²	Chromosome	Position (hg38) ³	Position (hg19) ⁴
HomoErectus hg38:21292569-T-G	Human and Denisovan diverge from ancestral allele T found in chimpanzees at this position. hg38 Ref is G. Phylogenetic Parent: CHLCA View Pedigree Phylogenetic Children: Denisovan Heidelbergensis	Brad Larkin 2018	T	G	Y	21292569	23454455

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/HomoErectus> [26]

DNA Marker Index data for Marker: Denisovan on Chromosome: Y							
Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ¹	Derived ²	Chromosome	Position (hg38) ³	Position (hg19) ⁴
A-Denisovan Denisovan A8864	Speculative Denisovan. ISOGG uses this as branch marker and designates it as haplogroup A0000. Phylogenetic Parent: <i>HomoErectus</i> / hg38:21292569-T-G View Pedigree Phylogenetic Children: Den10028519	Thomas Krahn 2015	C	T	Y	2957859	2825900

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/Denisovan> [26]



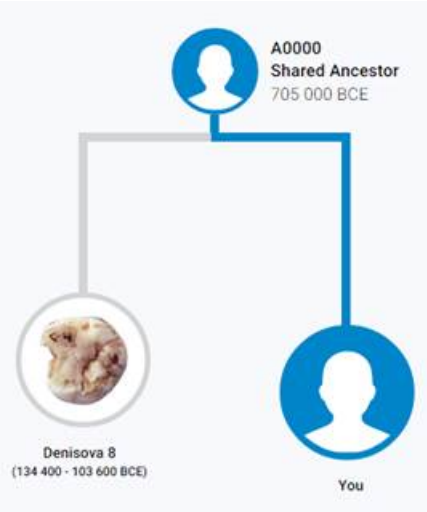
https://docs.google.com/spreadsheets/d/12EwwUDZbwVx_LswB0PSCS49Zrnb0jnuMS3PWf4gc
[\[27\]](#)

По данным Discover Family Tree DNA дивергенция (разделение) от общего предка денисовцев и современных людей, включая неандертальцев, произошло приблизительно 705 тысяч лет назад (TMRCA) [\[13\]](#) [\[30\]](#).

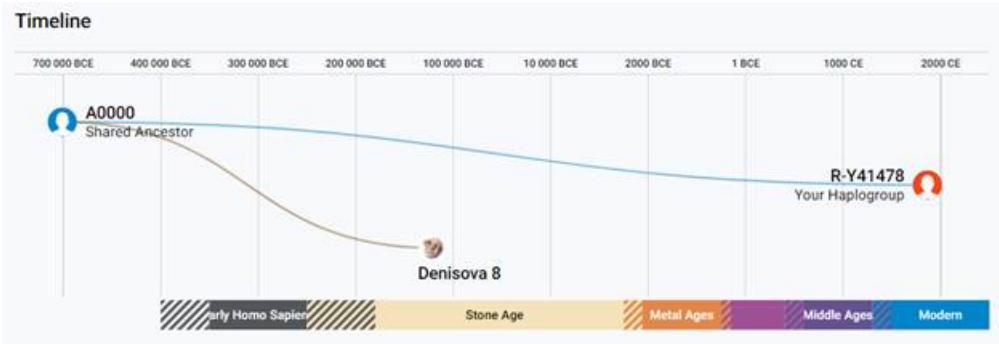
Steps	Haplogroup	Age Estimate	Archaeology Era	Time Passed
45	A-PR2921 (Y-Adam)	232 000 BCE	Early Homo Sapiens/ Stone Age	136 000 years
46	A000-T (Neanderthal divergence)	368 000 BCE	Before Homo Sapiens/ Early Homo Sapiens	337 000 years
47	A0000 (Denisovan divergence)	705 000 BCE	Before Homo Sapiens	

44	A-L1090 (A0-T)	150 000 BCE	<p>This date is an estimate based on genetic information only. With a 95% probability, the most recent common ancestor of all members of haplogroup was born between the years 833 000 and 605 000 BCE. The most likely estimate is 705 000 BCE, rounded to 705 000 BCE.</p> <p>This estimate will likely change in the future as more people test and we improve the method.</p>
45	A-PR2921 (Y-Adam)	232 000 BCE	
46	A000-T (Neanderthal divergence)	368 000 BCE	
47	A0000 (Denisovan divergence)	705 000 BCE	

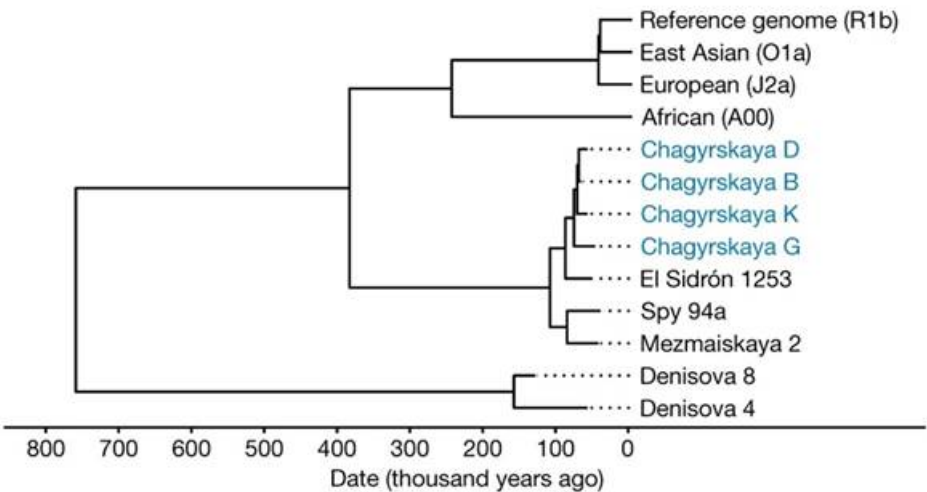
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/path> [\[30\]](#)



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/ancient> [\[30\]](#)



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/ancient> [30]



[31, p. 520]

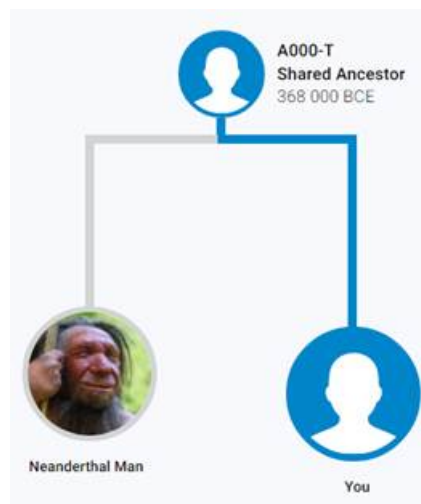
Следующее нижестоящее звено ближайшего общего предка – это Heidelbergensis, от которого образовались две параллельные ветви современных людей и неандертальцев. По номенклатуре ISOGG это гаплогруппа A000-T, которая маркируется SNP A8835: на Y-хромосоме в позиции 7760193 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. По данным Family Tree DNA время жизни до ближайшего общего предка (TMRCA) примерно 368000 лет назад в интервале 418000 <-> 324000 лет назад (formed CI 95%) [14].

Образец:	YF095491 (R-Y41478) Hg38
ChrY позиция (CP086569.2):	7416187 (+strand)
ChrY позиция (Hg19):	7628234 (+strand)
ChrY позиция (Hg38):	7760193 (+strand) Yp11.2 combBED
Прочтений:	12
Инф. по позиции:	12G
Вес для G:	1,0
Вероятность ошибки:	0,0 (0<->1)
Аллель образца:	G
Аллель референса (Hg38):	G
Известные SNPs в этой позиции:	A8835 A в G YB
Сиквенс референса (100 п.о.):	CAAAAAACAACCTGCCTGTCTCAGAAACCTTTCATAAGTATACCTCTAAAAA G TAAATATGTGACTAAAACTATCATATACATCACAGTTTAAATAATAAAC (7760142-7760243)

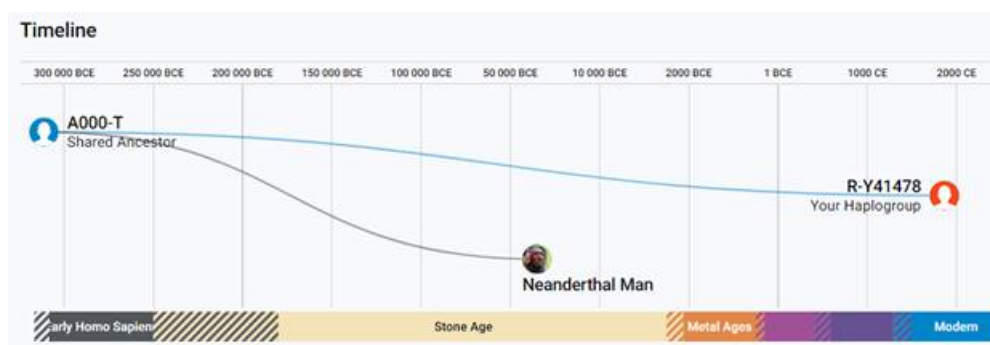
<https://www.yfull.com/seq/38/95491/y/7760193/> [32]

DNA Marker Index data for Marker: Heidelbergensis on Chromosome: Y							
Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ²	Derived ⁴	Chromosome	Position (hg38) ²	Position (hg19) ²
A-Heidelbergensis A8835	Presumed Y Ancestor of Humans and Neanderthals. ISOGG calls this haplogroup A000-T. Phylogenetic Parent: HomoErectus / hg38:21292569-T-G View Pedigree Phylogenetic Children: Neanderthal YAdam	Thomas Krahn 2015	A	G	Y	7760193	7628234

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/Heidelbergensis> [26]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/notable> [30]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/notable> [30]

Методологически поясним этот момент, приведя выдержку из интервью с российским генетиком С. А. Боринской: «Когда при сравнении двух родственных видов в одной и той же позиции генома этих видов стоят разные нуклеотиды, то один из нуклеотидов предковый, другой – эволюционно молодой, заменивший предковый в результате мутации. Чтобы узнать, какой из вариантов предковый, а какой "молодой", используют геном родственного вида (его называют "внегрупповой вид", по-английски outgroup), отделившегося от общего ствола до расхождения тех двух видов, которые изучают» [15].

При сравнении генов человека с геномами неандертальца или денисовца в качестве "внегруппового" (outgroup) вида использовали шимпанзе (в ряде случаев гориллу, орангутана, других приматов).

Логика исследования такова: если у человека и денисовца (или неандертальца) в какой-то позиции генома стоят разные нуклеотиды, то тот, который совпадает с шимпанзе, и есть предковый. А тот, который не совпадает – эволюционно молодой, возник уже после отделения линии, несущей этот молодой аллель» [35][16].

Итак, продолжим Y-филогению наших общих предков, начиная по аналогии с Р. Докинзом вести речь о сопредках (concestors), всегда подразумевая и женского сопредка, то есть исключая патрилинейную дискриминацию. Мы будем именовать наших сопредков по названиям SNP-маркеров и соответственно гаплогрупп/субкладов [17], которые приняты в Y-филогении. Это научно-номенклатурная SNP-номинация [18] позволит косвенным образом восполнить имена далёких родственников – конкретных носителей мутаций, которые у них однажды возникли [19]. По мере накопления базы данных филогения YTree будет уточняться и расширяться, позволяя именовать как можно больше безымянных пращуров, чьи следы в виде нуклеотидных следов сохранились в Y-хромосоме и подобно биологической родословной реплицируются в потомках. Полногеномное тестирование Y-хромосом мужских представителей нашего рода проводилось в двух американских коммерческих лабораториях – Family Tree DNA (6 доноров) [38] и Nebula Genomics (повторно 2 донора) [39]. Результаты были загружены на международный сайт YFull.com (Y-Chr Sequence Interpretation Service), где они заняли своё уникальное место (соответствующую ветвь) на мировом YTree [40]: А. С. Нилогов (id:YF001593 (Big Y 500), id:YF067279 (Big Y 700), id:YF095491 (NG)); С. М. Нилогов (id:YF068473 (Big Y 700), id:YF089316 (NG)); М. С. Нилогов (id:YF076737 (Big Y 700)); М. М. Нилогов (id:YF112473 (Big Y 700)); Н. А. Нелогов (id:YF079120 (Big Y 700)); А. Н. Нелогов (id:YF110536 (Big Y 700)).

Предок (**сопредок**) **A8835 (A000-T) (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7760193 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. По данным FTDNA время жизни до ближайшего общего предка (TMRCA) примерно 368000 лет назад в интервале 418000 <-> 324000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла A8835 – это приблизительно 8 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом: A8835, A8836, A8837, A8838, A8845, A8846, A8848, A8852. **A8835 (A000-T)** – наш общий патрилинейный предок с неандертальцами.

Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ^a	Derived ^b	Chromosome	Position (hg18)	Position (hg19)
Neanderthal A10803 hg19:14832610-A-G	Y SNP observed in Neanderthal sample from El Sidrón, Spain; distinct from Chimp and human branches. Phylogenetic Parent: Heidelbergensis / A8835 View Pedigree Phylogenetic Children: A21565 A10801	Mendez et al 2016	A	G	Y	12720677	14832610

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/Neanderthal> [26]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-PR2921/ancient> [30]

A8835 Details	
Name:	A8835
Type:	snp
Source:	point
Position:	chrY:7760193..7760193 (+ strand)
Length:	1
allele_anc:	A
allele_der:	G
comment:	Anc in Denisova8 but derived in A00 & HUGO
count_derived:	0
count_tested:	0
isogg_haplogroup:	A00-T
load_id:	A8835
mutation:	A to G
primer_f:	TBD
primer_r:	TBD
ref:	Thomas Krahn (2015)
ycc_haplogroup:	A00-T
yfull_node:	Not found on the YFull Ytree
primary_id:	52111
gbrowse_dbid:	chrY:database

[https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?](https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?ref=chrY;start=7760193;end=7760193;name=A8835;class=Sequence;feature_id=52111;db_id=chrY)

[ref=chrY;start=7760193;end=7760193;name=A8835;class=Sequence;feature_id=52111;db_id=chrY](https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?ref=chrY;start=7760193;end=7760193;name=A8835;class=Sequence;feature_id=52111;db_id=chrY)
[41]

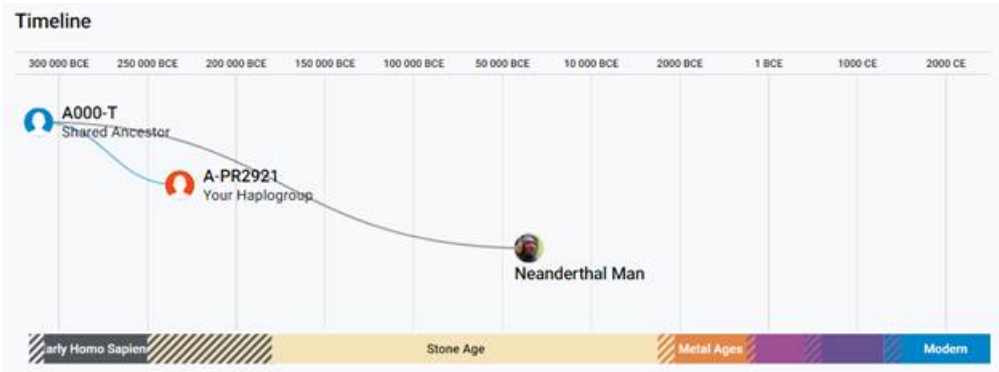
Предок (сопредок) **A-PR2921 (A00-T) (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 16776514 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. По данным FTDNA время жизни до ближайшего общего предка (TMRCA) примерно 232000 лет назад в интервале 268000 <-> 200000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла A-PR2921 – это приблизительно 105 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом: PR2921, A8833, A8841, A8843, A8849, A8853, A21321, A21322, A21323, A21324, A21325, A21326, A21327, A21328, A21329, A21330, A21331, A21332, A21333, A21334, A21335, A21336, A21337, A21338, A21339, A21340, A21341, A21342, A21343, A21344, A21345, A21346, A21347, A21348, A21349, A21350, A21351, A21352, A21353, A21354, A21499, A21500, A21501, A21502, A21503, A21504, A21505, A21506, A21507, A21508, A21509, A21510, A21511, A21512, A21513, A21514, A21515, A21516, A21517, A21518, A21519, A21520, A21521, A21522, A21523, A21524, A21525, A21526, A21527, A21528, A21529, A21530, A21531, A21532, A21533, A21534, A21535, A21537, A21538, A21539, A21540, A21541, A21542, A21543, A21544, A21545, A21546, A21547, A21548, A21549, A21550, A21551, A21552, A21553, A21554, A21555, A21556, A21557, A21558, A21559, A21560, A21739, A21740, A21741, A21742. **A-PR2921 (A00-T)** – наш общий патрилинейный предок после разделения с неандертальцами.

Образец:	YF095491 (R-Y41478) Hg38
ChrY позиция (CP086569.2):	17683027 (+strand)
ChrY позиция (Hg19):	18888394 (+strand)
ChrY позиция (Hg38):	16776514 (+strand) Yq11.221 combBED
Прочтений:	15
Инф. по позиции:	15G
Вес для G:	1,0
Вероятность ошибки:	0,0 (0<->1)
Аллель образца:	G
Аллель референса (Hg38):	G
Известные SNPs в этой позиции:	PR2921 A в G YB MF28249 G в A YB
Сиквенс референса (100 п.о.):	ATTCTTACTTTCTAAATGCTATGAGTTTTCACAGTCCCTCCCATGTATT G TAACACTCCCATGTATTATAACTGCCATGTATTATAATATGTGTATCT (16776463-16776564)

<https://www.yfull.com/seq/38/95491/y/16776514/> ^[32]

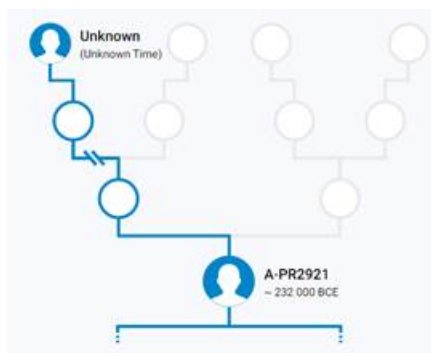
DNA Marker Index data for Marker: YAdam on Chromosome: Y							
Marker Name(s)	Notes	Identification	Ancestral ^a	Derived ^b	Chromosome	Position (hg38) ^c	Position (hg19) ^d
YAdam hg38:2844421- A-G	Ancestral allele in chimpanzee is A implying this is probably a human-defining SNP for homo sapiens. hg38 Ref is G. Believed coincident with PR2921. ISOGG calls this haplogroup A00-T. Phylogenetic Parent: Heidelbergensis / A8835 View Pedigree Phylogenetic Children: AF6 L1085	Brad Larkin 2018	A	G	Y	2844421	2712462

<https://www.genetichomeland.com/dna-marker/chromosome-Y/YAdam> ^[26]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-PR2921/notable> ^[30]

Важно заметить, что от момента разделения современных людей с неандертальцами по Y-хромосоме, которое случилось приблизительно 368 тысяч лет назад от **A8835 (A000-T)** до **A-PR2921 (A00-T)** жили тысячи потенциальных ближайших общих предков для современных людей, которые могут быть филогенетически реконструированы по мере тестирования новых доноров, включая человеческие останки с древней ДНК^[20]. Тем не менее, филогенетическая летопись по Y-хромосоме всегда будет неполной вследствие того, что многие линии уже терминировались и продолжают вымирать даже в условиях массового ДНК-тестирования, а часть вымершего генофонда уже не оставила даже костных образцов.












<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-PR2921/story> [30]

PR2921 Details	
Name:	PR2921
Type:	snp
Source:	point
Position:	chrY:16776514..16776514 (+ strand)
Length:	1
allele_anc:	A
allele_der:	G
comment:	Found ancestral in a chimpanzee WTY and in Denisova
count_derived:	2
count_tested:	5
isogg_haplogroup:	A00-T
load_id:	PR2921
mutation:	A to G
primer_f:	TBD
primer_r:	TBD
ref:	Thomas Krahn (2012)
ycc_haplogroup:	A00-T
yfull_node:	Not found on the YFull Ytree
primary_id:	217183
gbrowse_dbid:	chrY.database

https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?

[ref=chrY;start=16776514;end=16776514;name=PR2921;class=Sequence;feature_id=217183;](https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?ref=chrY;start=16776514;end=16776514;name=PR2921;class=Sequence;feature_id=217183;)
[41]

В 2012 году в американской лаборатории Family Tree DNA был протестирован один из правнуков Альберта Перри (Albert Perry), раба из Южной Каролины, который родился около 1820 года. В результате анализа его Y-хромосомы было установлено, что его патрилиния – самая древняя из ранее обнаруженных («the most divergent Y-DNA lineage known today»), корни которой уходят в Камерун. Благодаря этому американцу была выделена гаплогруппа A00. Семья Перри и их дальние родственники из Камеруна происходят от одного предка, который жил около тысячи лет назад. Таким образом, на сегодняшний день они являются нашими самыми дальними родственниками по отцовской линии («they are the most distant paternal line relatives of almost everyone in the world today») [42]. Для правнука Альберта Перри определён субклад A-L1100, который является нисходящим в цепи «предок – потомок»: A-PR2921 > L1087 > L1088 > FGC28278 > L1149 > L1100 > A-FT272432.

Steps ↑ ⓘ	Haplogroup ⓘ	Age Estimate ⓘ	Archaeology Era ⓘ	Time Passed ⓘ	Immediate Descendants ⓘ
1	A-FT272432	1850 CE ⓘ	 Modern	<100 years	2
2	A-L1100	1800 CE ⓘ	 Modern	300 years	2
3	A-L1149	1500 CE ⓘ	 Modern	450 years	2
4	A-FGC28278	1050 CE ⓘ	 Middle Ages	300 years	2
5	A-L1088	750 CE ⓘ	 Middle Ages	29 750 years	2
6	A-L1087 (A00)	29 000 BCE ⓘ	 Stone Age	203 000 years	1
7	A-PR2921 (Y-Adam)	232 000 BCE ⓘ	 Early Homo Sapiens/ Stone Age	136 000 years	2
8	A000-T (Neanderthal divergence)	368 000 BCE ⓘ	 Before Homo Sapiens/ Early Homo Sapiens	337 000 years	2
9	A0000 (Denisovan divergence)	705 000 BCE ⓘ	 Before Homo Sapiens		2

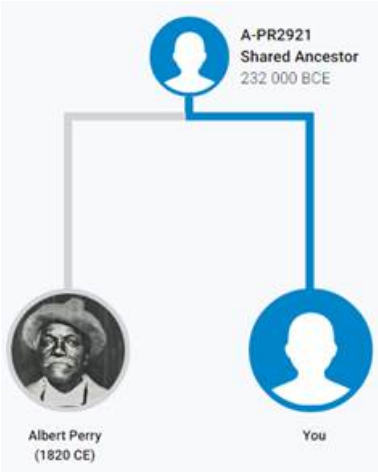
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-FT272432/path> [\[30\]](#)

Kit Number	Paternal Ancestor Name	Country	Haplogroup
A00, L1086-L1236+, L1100+ (private), L1085-, V166-, L896-, V168-, V221-, M31-, L419-			
N64496	Albert Perry b c 1819-1827, lived York Co, SC	United States	A-FT272432
215865	Albert Perry b c 1819-1827, lived York Co, SC	United States	A-L1100
530245	Albert Perry b c 1819-1827, lived York Co, SC	United States	A-FT272432

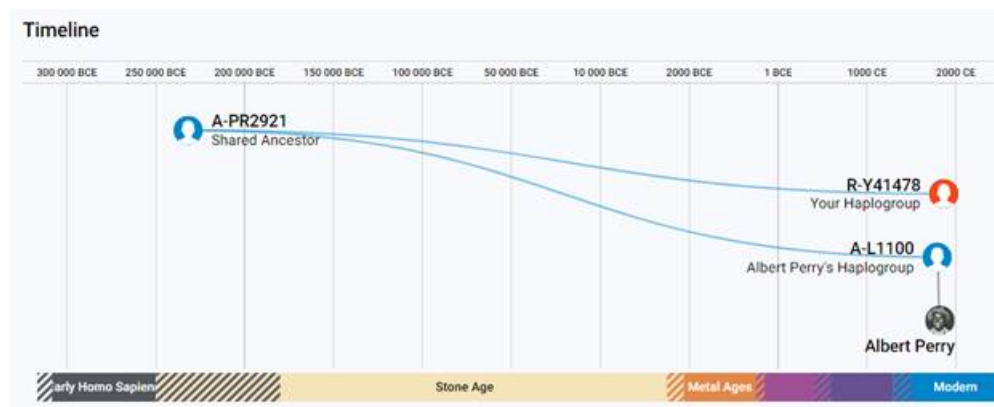
https://www.familytreedna.com/public/Haplogroup_A?iframe=yresults [\[37\]](#)



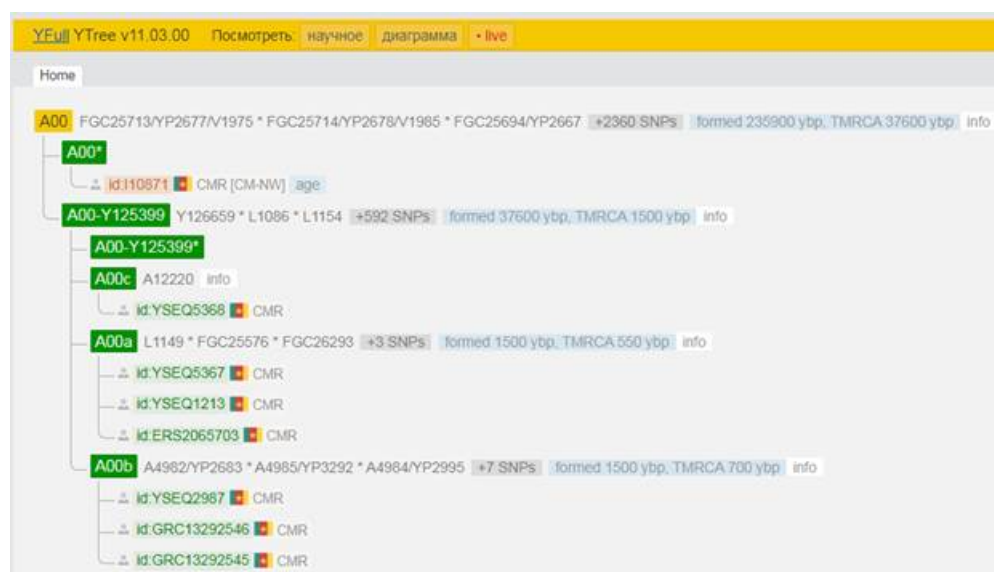
Albert's son, Clyde Perry, born in 1867, grandfather of the first A00 tester [\[30\]](#)



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/notable> [\[30\]](#)

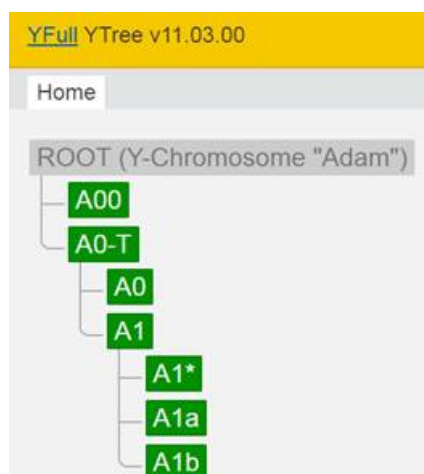


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/notable> [30]



<https://www.yfull.com/tree/A00/> [40]

В нашем исследовании мы используем несколько генетических баз данных (Y-DNA database), среди которых наиболее авторитетными являются: YFull YTree [29], Discover Family Tree DNA [30], YSNP YTree от ISOGG [27]. Также имеются китайские варианты – YTree Dnachron [43], YTree Mofang [44], старая версия Y-Haplotree FTDNA [45] и сайт GeneticHomeland.com, на котором размещена утилита Ancestral DNA Marker Pedigree Display [26].



<https://www.yfull.com/tree/> [21] [40]



<https://www.dnachron.com/ytree> [43]



<https://www.dnachron.com/isogg> [43]

Предок (сопредок) **A-L1090 (A0-T) (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 3676921 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > C. По данным FTDNA время жизни до ближайшего общего предка (TMRCA) примерно 150000 лет назад в интервале 170905 <-> 131165 лет назад (formed CI 95%). По данным YFull это событие произошло 235900 лет назад в интервале 243700 <-> 228300 лет назад (formed CI 95%), однако YTree у YFull не содержит более глубоких (родительских) снп-мутаций, поэтому по сути гаплогруппу A00-T (A-PR2921) можно датировать примерно 236 тысячами лет [22]. Поскольку FTDNA и YFull используют разные алгоритмы расчётов хронологии гаплогрупп/субкладов, разные базы с образцами Y-хромосомы и разные SNP-филогении, постольку очевидны различия как в датировании конкретных ветвей, так и в самой структуре Y-гаплодрева [23]. Для нашей Y-филогении мы будем использовать версию YFull YTree [24] [40], так как она включает большее количество ветвлений на гаплогруппы/субклады. Корректировка хронологии для каждого конкретного субклада будет уточняться по мере расширения базы. Ниже приведём путь наших генетических предков от Discover FTDNA [25] [30], а также от YFull в сокращённом виде, далее сосредоточившись на всех сопредках для каждого уровня ветвления YTree.

Steps	Haplotype	Age Estimate	Archaeology Era	Time Passed
1	R-Y41478	1850 CE	Modern	<100 years
2	R-FT171875	1800 CE	Modern	750 years
3	R-Y29349	1050 CE	Middle Ages	350 years
4	R-FT105418	700 CE	Middle Ages	150 years
5	R-BY55151	550 CE	Imperial/ Middle Ages	300 years
6	R-FT106413	250 CE	Imperial	<100 years
7	R-Y18348	200 CE	Imperial	200 years
8	R-YP728	1 BCE	Imperial	100 years
9	R-YP418	100 BCE	Imperial	100 years
10	R-YP417	200 BCE	Imperial	200 years
11	R-L1029	400 BCE	Metal Ages/ Imperial	650 years
12	R-CTS11962	1050 BCE	Metal Ages	900 years
13	R-FGC2608	1950 BCE	Metal Ages	<100 years
14	R-Y2804	2000 BCE	Metal Ages	100 years
15	R-PF7521	2100 BCE	Metal Ages	100 years
16	R-M458	2200 BCE	Metal Ages	250 years
17	R-PF6155	2450 BCE	Metal Ages	250 years
18	R-Z282	2700 BCE	Stone Age/ Metal Ages	100 years
19	R-Z283	2800 BCE	Stone Age/ Metal Ages	200 years
20	R-PF6162	3000 BCE	Stone Age/ Metal Ages	400 years
21	R-M417	3400 BCE	Stone Age/ Metal Ages	3 000 years
22	R-M198	6400 BCE	Stone Age	4 600 years
23	R-M459	11 000 BCE	Stone Age	4 000 years
24	R-M420 (R1a)	15 000 BCE	Stone Age	5 000 years
25	R-M173 (R1)	20 000 BCE	Stone Age	6 000 years
26	R-M207	26 000 BCE	Stone Age	3 000 years
27	P-P226	29 000 BCE	Stone Age	5 000 years
28	P-P284	34 000 BCE	Stone Age	<1,000 years
29	P-M45	34 000 BCE	Stone Age	8 000 years
30	P-P295	42 000 BCE	Stone Age	<1,000 years
31	P-PF5850	42 000 BCE	Stone Age	<1,000 years
32	K-YSC0000186 (K2b)	42 000 BCE	Stone Age	<1,000 years
33	K-M526 (K2)	42 000 BCE	Stone Age	1 000 years
34	K-M9	43 000 BCE	Stone Age	1 000 years
35	LJK-L15	44 000 BCE	Stone Age	1 000 years
36	HJK-PF3494	45 000 BCE	Stone Age	1 000 years
37	(HJK-F1329	46 000 BCE	Stone Age	<1,000 years
38	F-M89	46 000 BCE	Stone Age	16 000 years
39	CF-P143	62 000 BCE	Stone Age	1 000 years
40	CT-M168	63 000 BCE	Stone Age	22 000 years
41	BT-M42	85 000 BCE	Stone Age	35 000 years
42	A-V221 (A19)	120 000 BCE	Stone Age	5 000 years
43	A-V168 (A1)	125 000 BCE	Stone Age	25 000 years
44	A-L1090 (A0-T)	150 000 BCE	Stone Age	82 000 years
45	A-PR2921 (Y-Adam)	232 000 BCE	Early Homo Sapiens/ Stone Age	136 000 years
46	A000-T (Neanderthal divergence)	368 000 BCE	Before Homo Sapiens/ Early Homo Sapiens	337 000 years
47	A0000 (Denisovan divergence)	705 000 BCE	Before Homo Sapiens	

<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/path> ^[30]

YFull YTree v11.03.00

MENU

HomeA0-TA1A1bBTCTCFFGHIJKHIJKIJKKK2K2bPP-P1651P-M1254P-P337P-P284

P-P226R-R-Y482R1R1aR-M459R-M735R-M198R-M417R-Z645R-Z283R-Z282R-PF6155R-M458

R-PF7521R-Y2804R-FGC2608R-CTS11962R-L1029R-YP417R-YP418R-YP728R-Y18348R-FT106413

R-Y41236R-BY121104R-FT105418R-Y39349R-Y38374

R-Y41478Y41478formed 200 ybp, TMRCA 125 ybpinfo

id:YF112473RUS[RU-KK]

id:YF095491RUS[RU-KK]

id:YF089316RUS[RU-KK]

id:YF076737RUS[RU-PER]

id:YF068473RUS[RU-PER]

id:YF067279RUS[RU-PER]

<https://www.yfull.com/tree/R-Y41478/> ^[40]

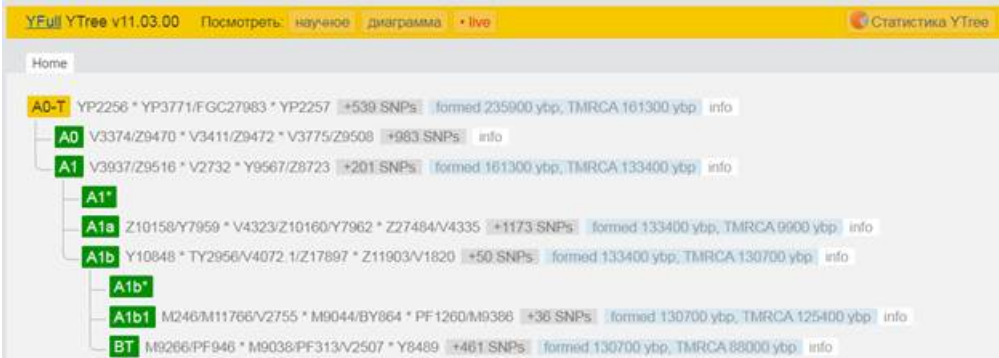
Филогенетические сопредки узла A-L1090 – это приблизительно 542 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: FGC26832/YP2013, A2788/YP1957, FGC26530/YP1952, FGC26528/YP1951, FGC26833/YP2014, A2594/YP1741, A2606, A2611/YP1752, A2621/YP1766, A2622/YP1767, A2623/YP1768, A2624/YP1769, A2627/YP1776, A2636/YP1794, A2638/YP1801, A2646/YP1817, A2662/YP1844, A2663/YP1850, A2669/YP1863, A2673/YP1870, A2742/YP1891, A2743/YP1894, A2744/YP1895, A2752/YP1903, A2757/YP1909, A2758/YP1910, A2779/YP1950, A2797/YP2001, A2852/YP2078, A2855/YP2091, A2866/YP2096, A2868/YP2099, A2870/YP2107, A2873/YP2113, A2879/YP2114, A2882/YP2123, A2883/YP2124, A2906/YP2136, A2909/YP2143, A2934/YP2175, A2937/YP2184, A2943/YP2196, A2944/YP2197, A2949/YP2200, A2950/YP2201, A3047/YP1840, A3071/YP1916, A3072/YP1920, A3074/YP1935, A3281/YP2681/V4845, A3341/V5179, A4737/YP1734, A4750/YP1879, A4763/YP2052, A4776/YP2089, AF4, FGC24679/V5187, FGC24700/V2475, FGC24753/YP1711, FGC24755, FGC24761/YP1712, FGC24763, FGC24764/YP1713, FGC24769/YP1714, FGC24772/YP1715, FGC24775/YP1716, FGC24777/YP1717, FGC24781/YP1718, FGC24784/YP1719, FGC24792/YP1720, FGC24794/YP1721, FGC24833/YP1727, FGC25066/YP1731, FGC25299/YP1733, FGC25307/YP1736, FGC25361/YP1742, FGC25366/YP1743, FGC25379/YP1744, FGC25394/YP1745, FGC25401/YP1746, FGC25403/YP1747, FGC25418/YP1749, FGC25420/YP1750, FGC25442/YP1751, FGC25449/YP1753, FGC25450/YP1754, FGC25452/YP1755, FGC25462/YP1758, FGC25464/YP1759, FGC25465/YP1760, FGC25470/YP1761, FGC25472/YP2532, FGC25479/YP1763, FGC25482/YP1764, FGC25488/YP1765, FGC25493/YP1770, FGC25512/YP2555, FGC25515/YP1773, FGC25516/YP1774, FGC25524/YP1777, FGC25529/YP1778, FGC25530/YP1779, FGC25532/YP1780, FGC25533/YP1781, FGC25536/YP1782, FGC25541/YP1783, FGC25543/YP1784, FGC25544/YP1785, FGC25546/YP2573, FGC25550/YP1786, FGC25557/YP1787, FGC25559/YP1788, FGC25563/YP1790, FGC25566/YP1791, FGC25571/YP1792, FGC25574/YP1793, FGC25588/YP1796, FGC25590/YP1797, FGC25596/YP1798, FGC25610/YP1799, FGC25615/YP1800, FGC25623/YP1803, FGC25625/YP1804, FGC25634/YP2621/V1609, FGC25644/YP1805, FGC25649/YP2631/V1662, FGC25656/YP1810, FGC25659/YP1811, FGC25676/YP1815, FGC25695/YP1821, FGC25708/YP1826, FGC25716/YP2680/V1995, FGC25743/YP2699/V2171, FGC25746/YP1833, FGC25748/YP2702/V2201, FGC25754/YP1834, FGC25761/YP2711/V2278, FGC25766/YP2718/V2339, FGC25769/YP2719/V2369, FGC25771/YP1835, FGC25775/YP1836, FGC25781/YP1837, FGC25789/YP1842, FGC25796/YP1843, FGC25803/YP1846, FGC25813/YP1847, FGC25828/YP1851, FGC25829/YP1852, FGC25830/YP1853, FGC25853/YP1855, FGC25860/YP1856, FGC25864/YP1857, FGC25866/YP1859, FGC25872/YP1860, FGC25874/YP1861, FGC25881/YP1862, FGC25887/YP1864, FGC25917/YP2796/V5073, FGC25918/YP1867, FGC25921/YP1868, FGC25926/YP1869, FGC25943/YP1872, FGC25951, FGC26159, FGC26182/YP1875, FGC26187/YP1876, FGC26188/YP1877, FGC26192/YP1878, FGC26197/YP1880, FGC26198/YP1881, FGC26210/YP1882, FGC26223/YP1883, FGC26235/YP1884, FGC26237/YP1885, FGC26238/YP1886, FGC26254/YP1887, FGC26255/YP1888, FGC26257/YP1889, FGC26258/YP1890, FGC26273/YP1893, FGC26276/YP1896, FGC26277/YP1897, FGC26279/YP1898, FGC26280/YP1899, FGC26285/YP1900, FGC26287, FGC26289/YP1901, FGC26298/YP1904, FGC26309/YP1905, FGC26328/V5676, FGC26341/YP1906, FGC26343/YP1907, FGC26356/YP1908, FGC26368/YP1913, FGC26370/YP1914, FGC26374/YP1917, FGC26375/YP1918

FGC26390/YP1921, FGC26405/YP1923, FGC26406/YP1924, FGC26410/YP1925
 FGC26423/YP1927, FGC26434/YP1929, FGC26435/YP1930, FGC26439/YP1931
 FGC26449/YP1933, FGC26455/YP1934, FGC26462/YP1936, FGC26467, FGC26470/YP1937
 FGC26472/YP1938, FGC26476/YP1939, FGC26478/YP1940, FGC26480/YP1941
 FGC26484/YP1942, FGC26485/YP1943, FGC26492/YP1945, FGC26493/YP1946
 FGC26514/YP1949, FGC26531/YP1953, FGC26539/YP3019/V3152, FGC26541/YP1954
 FGC26561/YP1956, FGC26591/YP1961, FGC26593, FGC26606/YP1962, FGC26610/YP1963
 FGC26619/YP1968, FGC26620, FGC26627/YP1971, FGC26629/YP1972, FGC26632/YP1973
 FGC26706, FGC26737/YP1997, FGC26773/V6456, FGC26779, FGC26799/YP3161
 FGC26816/YP3176, FGC26835, FGC26852/YP2021, FGC26891/YP2029, FGC26921/YP3231
 FGC26939/YP2039, FGC26959/YP2042, FGC26961/YP2043, FGC26987/YP2050, FGC27006
 FGC27007/YP2056, FGC27013/YP2057, FGC27025/YP2061, FGC27037, FGC27110/YP2081
 FGC27112/YP2082, FGC27113/YP2083, FGC27115/YP2084, FGC27118/YP2086
 FGC27136/YP2087, FGC27141/YP2088, FGC27145/YP2090, FGC27146/YP2092
 FGC27153/YP2093, FGC27155/YP2094, FGC27182/YP2095, FGC27185/YP2097
 FGC27186/YP2098, FGC27198/YP2100, FGC27200/YP2101, FGC27201/YP2102
 FGC27203/YP2103, FGC27206/YP2104, FGC27214/YP2105, FGC27215/YP2106
 FGC27217/YP2108, FGC27218/YP2109, FGC27233/YP2110, FGC27234/YP2111
 FGC27236/YP2112, FGC27244/YP2115, FGC27247, FGC27249/YP2116, FGC27250/YP2117
 FGC27254/YP2118, FGC27255/YP2119, FGC27257/YP2120, FGC27261/YP2121
 FGC27262/YP2122, FGC27272/YP2125, FGC27281/YP2126, FGC27293/YP2128
 FGC27299/YP3447, FGC27324/YP3457, FGC27337/YP2135, FGC27344/YP2137
 FGC27345/YP2138, FGC27348/YP2139, FGC27349/YP2140, FGC27355/YP2141, FGC27358
 FGC27360/YP2142, FGC27371/YP2144, FGC27372/YP2145, FGC27375/YP2146
 FGC27382/YP2147, FGC27394/YP2148, FGC27408/YP2149, FGC27410/YP2150
 FGC27412/YP2151, FGC27431/YP2154, FGC27434/YP3520/V7628, FGC27435/YP3521/V7633
 FGC27443/YP2155, FGC27476/YP2161, FGC27477/YP2162, FGC27481/YP2163
 FGC27482/YP2164, FGC27486/YP2165, FGC27489/YP2166, FGC27493/YP2167
 FGC27496/YP2168, FGC27501/YP2170, FGC27502/YP2171, FGC27506/YP2172
 FGC27538/YP2176, FGC27542/YP2177, FGC27555/YP2179, FGC27576/YP2183
 FGC27578/YP2185, FGC27579/YP2186, FGC27593/YP2188, FGC27688/YP3605
 FGC27698/YP2195, FGC27704/YP2198, FGC27706/YP2199, FGC27710/YP2202
 FGC27721/YP2204, FGC27725/YP3626, FGC27728/YP2206, FGC27730/YP2207
 FGC27733/YP2208, FGC27734/YP2209, FGC27736/YP2210, FGC27738/YP2211
 FGC27743/YP2212, FGC27752/YP2213, FGC27764/YP2214, FGC27769/YP2215
 FGC27771/YP2216, FGC27774/YP2217, FGC27782/YP2218, FGC27785/YP2219
 FGC27791/YP2220, FGC27792/YP2221, FGC27793/YP3663, FGC27795/YP2222
 FGC27802/YP2223, FGC27813, FGC27818/YP3679, FGC27820/YP2224, FGC27826/YP2225
 FGC27834/YP2227, FGC27864, FGC27878/YP2232, FGC27884/YP2233, FGC27886/YP2234,
 L1085, L1098, L1099, L1101, L1105, L1113, L1114, L1116, L1118, L1120, L1121, L1123,
 L1124, L1125, L1127, L1128, L1130, L1135, L1137, L1142, L1145, L1150, L1155, L1235,
 M4507, TY2950/AF11, TY2983/M8129, V2247/FGC25756, V2271/FGC25758
 V2828/FGC26411/YP1926, V3872, Y125383/BY184360/FGC26002, Y125401/BY184361
 Y125423, Y17293, Y49138, YP1737, YP1775, YP1802, YP1806, YP1807, YP1812, YP1814
 YP1818, YP1829, YP1830, YP1831, YP1839, YP1854, YP1866, YP1873, YP1911
 YP1915/FGC26373/V2657, YP1928/FGC26431, YP1963, YP2130, YP2131, YP2132, YP2153
 YP2158, YP2173/A2932, YP2181, YP2189, YP2190, YP2191, YP2192, YP2193, YP2205
 YP2230, YP2235/A2979, YP2236/A2980, YP2237/A2981, YP2238/FGC27910
 YP2239/FGC27913, YP2240/FGC27917, YP2241/FGC27918, YP2242/FGC27921
 YP2243/FGC27922, YP2244/FGC27924, YP2245/FGC27929, YP2246/FGC27936

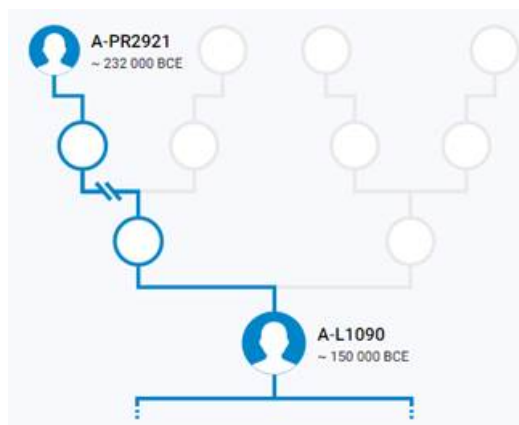
YP2247/PR4010, YP2252, YP2253/FGC27971, YP2255/A2989, YP2256, YP2257, YP2258
YP2259/FGC28009, YP2261/FGC28010, YP3754/FGC27944, YP3755/A4452
YP3766/FGC27972, YP3771/FGC27983, YP3773/FGC27984, YP3873/A2724, YP3874/A3068
YP3884, YP3885/FGC26501, YP3887/FGC26154, YP3892/FGC27753, YP3894, YP3895
A2554/YP1729(H), A2969/YP3694, A3042(H), A4702/YP1726(H), FGC24743/V6784
FGC24780, FGC24800/YP1723(H), FGC24809/YP1724(H), FGC24824/YP1725(H)
FGC24998/YP1728(H), FGC25061/YP1730(H), FGC25094(H), FGC25224(H)
FGC25328/YP1738(H), FGC25345/YP1739(H), FGC25505/YP1772(H)
FGC25635/YP2622/V1610, FGC25651/YP2634, FGC25742, FGC25782/YP2729/V2456
FGC25902/YP1865(H), FGC26149/YP1874(H), FGC26297/YP1902(H), FGC26409/YP2950
FGC26502/YP1947, FGC26812, FGC26895/YP3222, FGC27714/YP2203, FGC27823/YP3681
FGC27857, L1090(H), L1093(H), TY2945/FGC26646/Y125418, V1957/FGC25709
V2040/FGC25719, Y17301(H), Y17329/V8014, YP1732(H), YP1735(H), YP1838, YP2080
YP3881/FGC26160(H), YP3889/FGC25163(H), YP3890/FGC24818(H), YP3893(H)
FGC24722/C106803, A2921/YP2156, FGC25865/YP1858, FGC25944/Y125388
FGC26364/YP1912, FGC26639/YP1978, FGC26656, FGC26738, FGC27543/YP2178
FGC27583/YP2187, L1089, Y14727, Y17292, YP1740, YP1841, YP1996, YP2249, YP2250
YP2260, YP3876/FGC27582, YP3886/A4762, YP3888/FGC27381, YP2228/FGC27841
YP3459/V7462, A2953/YP3638, ALK431/FGC4291.2/V7027, S6863, YP3792/FGC28017
FGC27695/YP2194, FGC27321/YP3455/V7429.

Образец:	YF095491 (R-Y41478) Hg38
ChrY позиция (CP086569.2):	3354126 (+strand)
ChrY позиция (Hg19):	3544962 (+strand)
ChrY позиция (Hg38):	3676921 (+strand) Yp11.2
Прочтений:	12
Инф. по позиции:	12C
Вес для C:	1,0
Вероятность ошибки:	0,0 (0<=>1)
Аллель образца:	C
Аллель референса (Hg38):	C
Известные SNPs в этой позиции:	FT317652 C в T YB L1090 G в C YF YB
Сиквенс референса (100 п.о.):	TGGCCCTTAGGTGGGAGGCTTCCTCCACTGCTCTTCCTCTCTCTG C GTAATGCCAGAAAGCCTAGTCAGTGCTAATGACAAAATCTAGATACCTTAG (3676870-3676971)

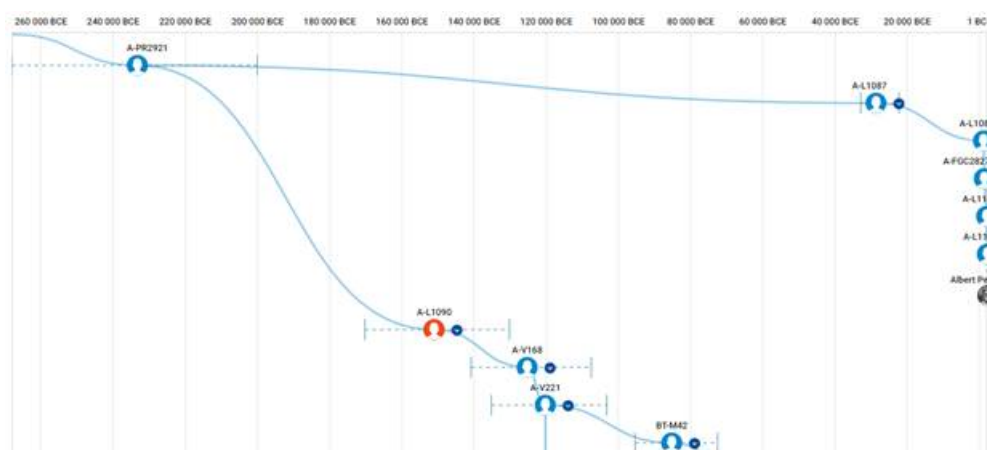
<https://www.yfull.com/seq/38/95491/y/3676921/> [\[32\]](#)



<https://www.yfull.com/tree/A0-T/> [\[40\]](#)



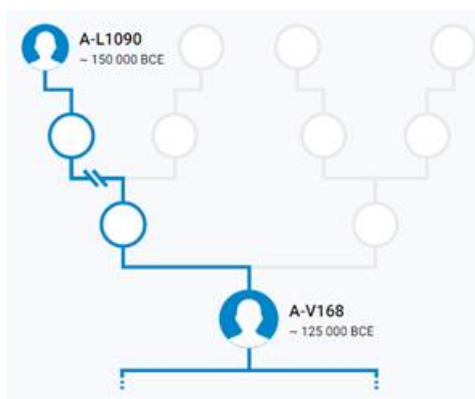
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-L1090/story> [30]



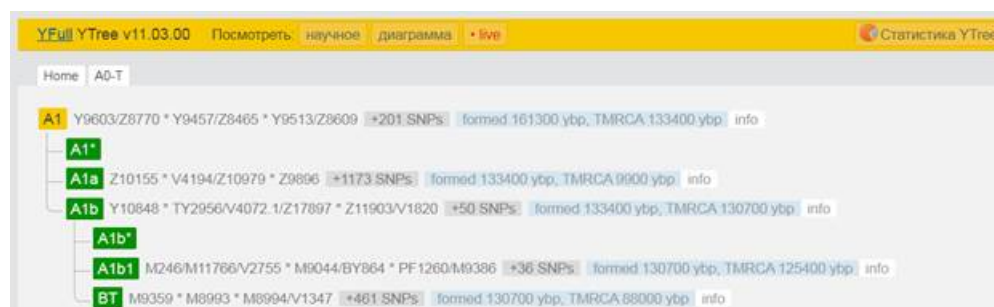
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-L1090/tree> [30]

Предок (сопредок) **A-V168 (A1) (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 15835792 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 161300 лет назад в интервале 169900 <-> 152900 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла A-V168 – это приблизительно 204 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом: Y9591/Z8755, Y9530/Z8656, Y9786/Z9164, Y9805/Z9192, Y9513/Z8609, Z9719/Y10115, V3682, V2070, Y9977/Z9457, V3832, L986, Y10036/Z9569, YP3853/Z9326, Z9045, Y9747/Z9101, Y9685/Z8912, Z8818/V1522, Y9913/Z9364, Y9870/Z9301, Y9872/Z9304, Y9877/Z9314, Y9697/Z8928, Y10073/Z9613, YP3859, Y9501/Z8584, YP3863, Y9843/Z9265, Y9855/Z9280, Y9814/Z9213, Y9671/Z8883, Z9140/V2613, Y9895/Z9340, Y10169/Z9796, Y9874/Z9310, L1053, Y9718/Z9047, TY2650/Z8834/C126406, Y9972/Z9451, Y9486/Z8553, Y9620/Z8802, Y10075/Z9616, Y9659/Z8866/V2162, V3937/Z9516, Y9998/Z9498, Y9947/Z9415, YP3841, Y9988/Z9474/V3448, Y9863/Z9292, Y1459, Y9643/Z8839, Y9619/Z8801, Y9622/Z8807, YP3852, Y10085/Z9629, Y9807/Z9202, YP3845, Y10220/Z9874, Y9592/Z8757, YP3864, Y9856/Z9282, Z7768, Y10177/Z9808, Z8772, Y9603/Z8770, Y10119/Z9724, Y9800/Z9186, YP3848, Y10195/Z9830, A4698/YP3839, Y9614/Z8792, V174, L985, TY2932/M9072/FT227772, A4709/Y13318, V161/V161.1/V161.2, Y9956/Z9426, Y9558/Z8712, Y9808/Z9203, Y9898/Z9344, Y10061/Z9601, V3624, V2980, Y9457/Z8465, YP3860, Y9910/Z9361, Y9567/Z8723, Y9873/Z9309, L1009, Y9569/Z8725, Z8529, Y10219/Z9873, Y9909/Z9360, Y9950/Z9418, Y10188/Z9820, Y9969/Z9446, Z9656, YP3857, Y13319, Z8830, Y14726, Y9583/Z8745, Y10201/Z9840, Y9669/Z8880/V2359, Y9759/Z9119, Y9661/Z8868/V2174, YP3849, Y13320, A4826/YP3865, YP3858, L1004, Z9582, Y9974/Z9454, V250, Y10090/Z9636, Z9661/Y10106, V171, L1084, Y10019/Z9545,

V3711, L1005, Y9623/Z8808, YP3866, YP3891, Z9116, YP3867, Y9904/Z9352, Y9986/Z9467, Y9683/Z8907, YP3842, Y9846/Z9268, V2349, YP3862, V3222, Y9953/Z9420, V1793, Y9713/Z9033, Y9886/Z9327, Z8845/V1808, YP3844, YP3850, YP3846, A4825/YP3861, Y9624/Z8809, V241, Y10068/Z9608, V2842, YP3856, L1002, Y9647/Z8844, Y9680/Z8903, Y9785/Z9163, Y9635/Z8824, Y9793/Z9178, Y9712/Z9032, Y9735/Z9085, Y9971/Z9450, Y10040/Z9574, A4739/YP3847, Y9824/Z9235, Y10039/Z9573, Y10197/Z9832, Y9854/Z9279/C134528, Y9756/Z9114, L989, YP3840, Y9692/Z8923, V2732, Y9639, Y10168/Z9795, V4189, V3653, Y9799/Z9185, A4719, Y10053/Z9590, V2843/Z9173, Y9905/Z9353, YP3868, Y10156/Z9774, Y10034/Z9567, V3315, YP3851, Y9490/Z8559, V2368, Y9798/Z9184, Z9709, V168, A4733, P305, Y9794/Z9179, Z8743, Y9543/Z8686, L1112, Y9456/Z8464, V1130, Y9694/Z8925, V238, Y9768/Z9128, YP3855, YP3854, V1360, YP3843, V3955, V167, Z9072.

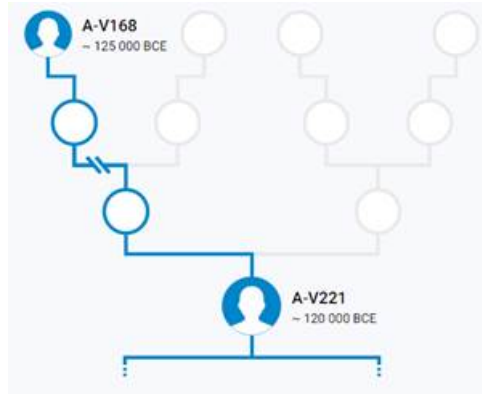


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-V168/story> [30]



<https://www.yfull.com/tree/A1/> [40]

Предок (сопредок) **A-V221 (A1b) (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7721262 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > T. По данным YFull это событие произошло примерно 133400 лет назад в интервале 139000 <-> 127800 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла A-V221 – это приблизительно 53 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y8300, Y8278, Y8283, Y10840, Y10848, Y8298, Y10883, Z11903/V1820, Y8302, Y8288, Y10865, Y10854, Y10856, Y8297, Y8294, Y8293/Z17899, Y8281, TY2957/V4076/Z11917, Y10860, Y10869, Y8289, Y8286, Y8290, V221, Y10882, Y8301, Y10844, Y8303, Y10877, TY2952/V3785/Z11893, Y8894, TY2956/V4072.1/Z17897, Y8299, Y8287, Y8292, Y8280/FGC24622, V2590, P108, Y10870, Y8284, Y8282, Y8296, L1013, Y8285, Y8291, Y8279, Y10857, Y10864, Y10863, Y9420, Y8295, Y10850, Z11900/Y8277.



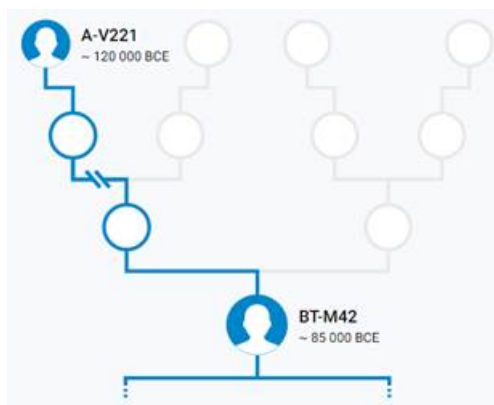
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/A-V221/story> [30]

Предок (сопредок) **BT-M42 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 19704954 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > T. По данным YFull это событие произошло примерно 130700 лет назад в интервале 136400 <-> 125100 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла BT-M42 – это приблизительно 464 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y10839, M9099/PF674, Y9417/Z17337, P97, L1060/PF1021, M9123, M9298/V4213/Z12093, M9373, M9409/CTS12197/PF1314, Y6870/Z17386, M9196, M9189, M9362, M9411/PF1315, Y10884, M9338/PF1064, M9238, M9130/PF708, L1061/PF1101, M9139, PAGE65.1/SRY1532.1/SRY10831.1/PF6234/SRY10831 M9216, M9244, M9284, V187/PF1403, Y10881/Z17352, M9115/PF687, Y8327/Z12129, M91, Y10852/Z17356, Y30501/Y22371, TY2987/M9404, M9003, Z17385/Y8324, M42, M9365/PF1218, PF280/M11755/Z40388, M9410, M9270/PF952, Y17291, Y8320, M9086/PF648, M9397, M9285, M9331/PF1057, L978/PF93/Z17343, Y10843, Y8308, M9057, M9301/PF1015, Y9452/Z17342, M9001, M8977, Y10861, M9408/PF1296, M9041/PF319, Y1547_2/A4807_2/A4807, Y10845/Z17354, M9179, M9204, M9292/PF995, M8954/V1158, PF1042/Z40407, M8994/V1347, M9195, L962, M9103/PF679, Y1577, L969, L418, Y10849/Z17349, M9286, L1062/PF302/V2352, Y9419, PF632/Z40404, M9295/PF1000/V4130, M9075, M9254, M9231/PF876, PF1406/V102, Y10841, Y8489, M9335/PF1060, M9317, M9094/PF671, M9199/PF834, PF793, M9366, M9165, M299, M9136/PF724, M9353, Y8330/Z17390, M9152/V3226, M8949, M9166/PF785, M9239, M9282/V3904, M9380/PF1256, M9140/V3002, M9121, M9038/PF313/V2507, M8955/PF12, M9319, M9291/V4025, Z17366/Y8309, Y1546_1/A4808_1, M9389, M9017/PF282/V1730, Y10851, PF28, M9203/PF837, M9269/V3636, Y10867, M9104/PF680, M9102, M9421/A5289, L440, M9009/V1561, M9312, M9198, M8999, Y10871/Z17357, M9352/PF1100, M9303, Y9394/Z17344, M8952, M9357/PF1209, M9346, Y10885/Z17362, Y8322, M9289/PF988/V4007, Y10846, M9005/V1506, Y8306, M9347, V29/PF1408, M8973/PF211, M8972, M8971, PF175, M9112, M9368, M8960/PF200, M9021/PF288, M9261/PF931/V3347, M9257/V3304, M9334, PF809/M11773/Z40393, M9224, M9214, M9148/PF744/V3107, L1071/M8945, Y8325, Y9422, Y7547/Z17388, M9054, M9210, M9343/PF1084, Y10876, M9325/PF1052, M9110/PF684/V2561, M9157/PF766, M9300, PF1027/M11779/Z40394, M9255/PF925/V3297, M9128, M9236, M9143/PF732/V3037, Y8314, M9174/S1572, M9133/PF715, M9249, PF1405/V216/M8953, M9126/PF703/V2821, M9097/PF672, M9077, Y9449, V202/PF1404, M9370, M9221, M9374/Z4690, Y10873, L604/PF1243, Y10875, Y8317, M9117/V2634, M9263, M9252, M9138/Z12034, M9176, M9192, Y9451, M9322/PF1049, M9227, M9010, M11781/Z40396, M8947/V1015, M9137/V2952, M9011, M9004/PF270, PF1201/Z40408, M9271, M8980/PF229, M8997/PF260/V1395.1, M9069/PF635, V2315/M11756/PF301/Z40389, Y1546_2/A4808_2/A4808, M9398/PF1279, M9235/PF886, M9114/V2579, Y10858, M8967/Z11946, M9200/PF835, M9188, M9100, M9356, Y10866,

M9399/PF1283, M9246, M9305/PF1022, M9027, Y9393/Z17339, Y8319, M9095, M9251/PF913, V8013/Y8326, L970/PF1065, Y8323, M9042, TY2964/M9304, Y8488, Y9392/Z17336, M8983/PF230, Y10837, M9045, M9159/PF767, Y26760/A3036, M9131, M9191, M9420/A5288, M9262/PF932/V3357, M9341/PF1072, M9180, M9405, V59/PF1411, M11752/Z40385, M9155/PF762, PF507, M9146, M9220, M9228, M9187, M9344, M9037/PF311/V2465, M9169, M8961/PF201, M9223/PF865, M9315/PF1033, M9232/PF880, Y10855, M9129/PF707, M9068, M9116/PF688, L977, M9348/PF1093, Y9131, M9230/PF870, M9253/PF914, Y10859/Z17365, PAGES00026/M9336/PAGE26, M9242/PF899, M11760, M9218/PF860, Y10872/Z17345, M9019/PF286/V1813, M9287, M8993, M9070, Y11581, Y10838, M9372, M9265/V3546, PAGES00024/M9160, M9349, TY2727/M9043, M9226/PF869, M9425, M9217/PF857, M9156/PF764, M9197, M9036/PF308, M9107, M8970/PF208, PF592/Z40400, M9396, M9080, M9376, M9202, L438, M9173/PF794, M9290/PF989, M9237/PF890, M9293/PF997, M9124/PF701/V2804, M9002/PF267, M9234/PF885, M9318/PF1039, M8986, V31/L413/PF1409, Y8321/Z17373, Y8318, PF1407/V21/M8969, M8985/PF232, Y10862/Z17372, M9006, Y8311, M9025/V2000, M9020/PF287, Y10842/Z17340, M9367, M9142/PF731/V3032, M9074, M9145/PF733/V3063, M9109, M9321/PF1045, M9083, M9127, M9377/PF1241, M9178, Y10888, M9296, M9032/PF304/V2397, PF161, M9177, M9215/PF847, M9056, M9000/V1456, M9081, M9361, Y10874, M9297/PF1003/V4201, Y8305, TY2992/M9412/FT227766, Y8313, M9311/PF1030, M9277/V3795, M9031/V2319, PF699/M251/M9122/V2760, M9182, M9326, M9039, M9046/PF324, M9379/PF1253, K61, M9360, L1220/M9212, PAGES00081/M9118/V2656/PAGE81, M8976/PF215, Y8329/Z17389, Y8316, M8958/PF196, Y8310, M11754/Z40387, V235/PF1410, M9310, L957, M9151, M9390/PF1262, M9354, M8951, M9193, M9280, M9288/PF985/V3998, PF918/Z40405, M9125, M9260/Z12079, Y9418, M9076, M9066, M9258, M9030/V2318, M9026/V2167, M9359, Z17371/Y8487, M9369, M9340, M9278/PF969, TY2954/M9272, M9393, M8956/PF14, M9065/PF351, M9406, M9163/PF777, Y8312, M9323/PF1050, M9327, M9111, M9417, M9328/PF1053, M8957, Y10847/Z17359, PF236/Z40397, Y9450, M9306, Z17334/Y8304, M8979/PF226, M9089/PF653, M9015, M9064/PF350, M94/PF1081, M9028/PF298/V2209, M9240/PF896, Y8315, PF1126, M9245, M9225/PF868, M9034/V2437, Y10879/Z17341, M9141, M9008/V1530, M9266/PF946, M139, M9098, M9400/PF1284, Y8307, Y10878, Y10853, M8959/PF198, M9375, Y15547, M9316/PF1034, Y10880/Z17348, M9172, TY2967/M9329, Y9421/Z17355, V64/PF1412, M9135, M9248, M9302, M9087, M9175, M9213, M9050, M9113, Y10868, M9394/PF1271, PF1196/FT227729, M8968/PF207, M8988, M9382/PF1257, M9105, PF1247/Z40409, M9219/CTS7503, V1219/M11753/PF243/Z40386, M9209, PF917, M9016, PF601, PF1318, Y10889/Z17346, PF1143, M9283/PF973/V3916, M9267/PF948/V3601.



<https://www.yfull.com/tree/BT/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/BT-M42/story> [30]



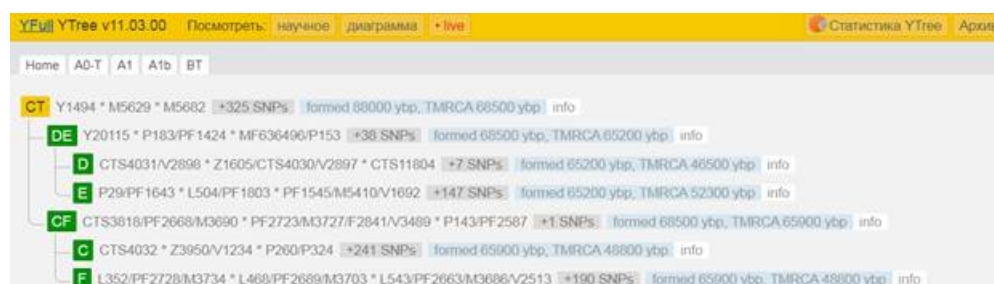
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/BT-M42/notable> [30]



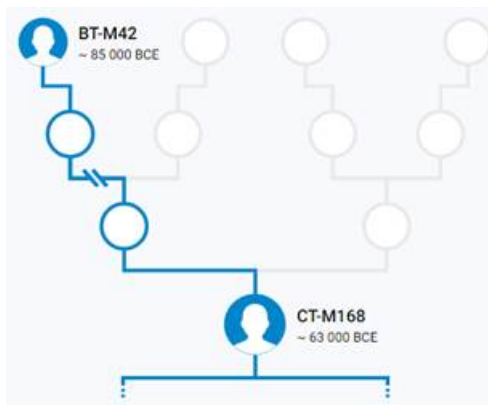
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/BT-M42/tree> [30]

Предок (сопредок) **СТ-М168 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 12702062 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 88000 лет назад в интервале 92500 <-> 83600 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла СТ-М168 – это приблизительно 328 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: M5764/CTS9828/PF964/V3758, M5600, M5753/CTS9458/PF947, PF629, M5757/CTS9555/V3641, M5785, M5617/PF274, M5588/PF210 Y1587, M5636, M5628, Y1544_1, PF15, Y1488, PF192, PF86, M5728/CTS7933, M5631/PF292/V1878, M5691/PF779, Y1455, PF38, M5801, M5754/V3623, Y1538, Y1499, Y1480, Y1450, M5762/CTS9722, M5593, PF6720, M5780, Y1447, M5661/CTS2842, M5808/CTS11358, Y1452, M5783, M5584/CTS543/PF206, M5653/CTS2077/PF657, M5742/PF904, Y1528, M9022/V1863, Y1506, PF636, M5743/CTS8542, Y1591, M5749/V3317, M5632/V2175, M5821/PF1269, Y1819_2/A5213, Y1470, M5788, M5640/PF318, M5804/CTS10946, M5705/CTS6327/PF811, M5768, M5621, M5811/PF1238, M5679/CTS4364 PF1418/V52/M5721, M5648, Y1462, M5720/CTS7482, Y1443, M5652/PF652, Y1567,

M5597/CTS1217, M5598/CTS1254, M5771/V4162, M5736/CTS8243/PF891, PF1316, M5669/CTS3431, M5576/CTS125/V1052, M5724/PF866, M5708, PF143, M5818/CTS11991, M294, Y1438, M5620, M5671/CTS3662/PF704/V2824, M5700/CTS6252, M5656, Y1469, M5794/PF1092, PF500, PF328, M5618, Y1473, M5639, PF74, M5689, Y1491, M5690/CTS5318, Y1575_1/A5156_1, M5760/PF954/V3648, M5651/CTS1996, M5763/CTS9760/PF961/V3728.1, Y1454, M5819, M5676/PF720, Y1449, Y1579, M5777, M5729/CTS7936, M5659/PF667, M5776/PF1029, M5687/CTS5019, M5694/CTS5532, M5786/PF1061, M5641, M5781/PF1040, Y1472, M5809/PF1237, Y1585, M5756/PF951, M5751/PF937, M5630, M5590/PF216, M5778/PF1031, M5758/CTS9556/V3642, M5615/PF269/V1494, TY2981/M5803, M5706/PF815, Y1485, M5675/PF719/V2901, M5670/CTS3460, M5649, Z17702/Y7546, Y1507, M5784/PF1059, M5607, M5688, M5583/CTS423, Y1464, Y1440, M5605/V1325, Y1474, M5746/CTS8709, M5790, PF342, Y1489, M5741, Y1471, Y1593, M5802, M5642, PF1239/Z40572, CTS9948, PF1420/V55, Y1527, Y1482, Y1475, CTS10362/PF998/M5770/V4106, Y1476, M5646, PF1414/V9/M5585, M5715/CTS6907/PF833, Y1496, M5727/CTS7922/PF875, M5707/CTS6383, Y1586, M5730/BY14943, Y1525, M5766/V3908/L1480, M5709, Y1451, M5745/CTS8608, M5698/PF796, Y1581, Y1817, Y1492, M5602/PF246, M5797/PF1098, M5739/PF898, M5622, Y1483, M5682, M5732/CTS8089, Y1490, M5633/V2216, Y1493, M5662, PF110, M5609, M5752/CTS9296, M5814, M5713/CTS6800, M5813, M5712, M5717/PF844, PF970/V3858, M5816/CTS11827, Y1465, PF1417/V41/M5695, Y1571, M5832/PF1333, Y1508, M5738, Y1559_1, CTS5248, M5775, M5678/PF725, Y1444, M5718/CTS7257, M5595/CTS1181, M5660, Y1448, Y1580, M5699/PF803, M5711/PF821, M5613, Y1568, Y1552_2, M5826, M9150/PF750, M5619/PF278/V1540, M5647, M5606/PF256, M5664/CTS3120/PF683, M5578, M5812, M5697/CTS5746, Y1509, PF1276, M5716/PF840, M5800/PF1203, M5765, Y1446, M5614/PF266, M5825, M5692, M5767/CTS10110, Y1526, M5587/L1462, Y1467, Y1819_1, M5616/PF272, M5750/CTS9014/V3337, M5737/PF892, PF1415/V226/M5603, PF134, M5805/PF1227, M5612/V1431, M5645, PF228/Z40571, M5772/CTS10512, Y1569/L1492, M5748/CTS8980/PF928/V3310, M5735/CTS8166, M5792/PF1088, M5798, M5626, M5719/PF850, Y1594, PF6718, M5625/V1653, M5791/PF1080, Y1456, M168/PF1416, Y1457, M5726, M5830/CTS12633/PF1329, Y1461, M5796/PF1097, M5624, L1028/CTS4368/M5680, M5684/CTS4740/PF751, CTS7295/PF848, M5782/PF1046, Y1497, PF1016, Y1590, Y1559_2, M5665/CTS3216, M5657, PF1413/V189/M5577, Y1505, TY2730/M5638/PF316, M5831, M5683/CTS4650, Y1599, M5601, M5747, M5722/CTS7517, M5759, Y1791, CTS5262, M5723/PF862, M5589/PF212, M5591/PF223, Y1544_2, M5714/CTS6890, M5725/CTS7741/PF867, Y1495, CTS12325, M5650, M5582/CTS401/PF202, Y1503, Y1460, Y1498, Y1494, M5599/PF234, M5627, M5810/CTS11408, M5681, M5774, PF154, M5629, CTS109/M8948/V1043, PF1205, PF165, M5795, M5817, M5610/V1401, Y1441, CTS5457, Y1458, M5655, M5611/PF263, CTS11575/PF1245, M5822, M5608/PF258, CTS2711, M5686, PF1337, Y1524/FGC24493, PF137, M5769/PF996.

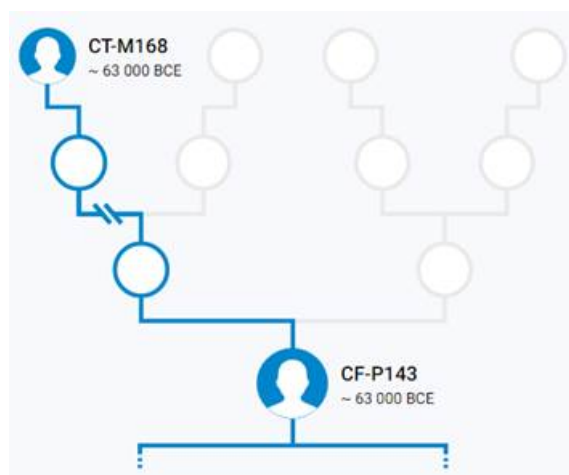


<https://www.yfull.com/tree/CT/> [\[40\]](#)



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/CT-M168/story> [30]

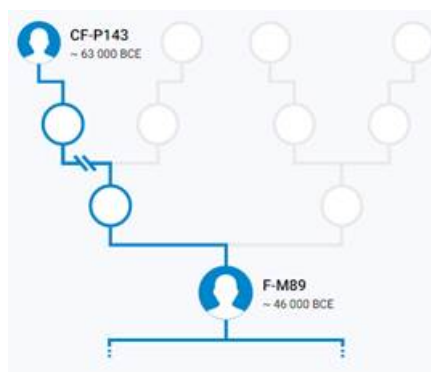
Предок (сопредок) **CF-P143 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 12077161 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 68500 лет назад в интервале 71800 <-> 65200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла CF-P143 – это приблизительно 4 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: M3711/CTS6376/PF2697, CTS3818/PF2668/M3690, PF2723/M3727/F2841/V3489, P143/PF2587.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/CF-P143/story> [30]

Предок (сопредок) **F-M89 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 19755427 произошла необратимая однонуклеотидная мутация C > T. По данным YFull это событие произошло примерно 65900 лет назад в интервале 69100 <-> 62700 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла F-M89 – это приблизительно 193 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: M3699/CTS4737/PF2680, Y1804, PF2732/F2993/M3737/V3940, L882/PF2745/M3749, Y1800, CTS4969/PF2682/M3700, PF2637/M3672, P151/PF2625, PF2739/M3743, Y1811/FGC2054, Y1758/FGC2069, F3584/M3768/PF1916, M3693/CTS4139/PF2672, YSC0001298/PF2620/F1302/M3656, CTS12027/PF2768/M3763, M3772/CTS12662/PF2776, M3730/CTS9372/PF2725, PF2651/F1704/M3675, PF2624/M3659, L352/PF2728/M3734, PF2615/M3652, P159/PF2717, M3692/CTS3996/PF2671, M5685/CTS4838, PF2712, PF2747/M3750, L468/PF2689/M3703, PF2647, PF2589/V186/M3637, P145/PF2617, P138/PF2655, M3666/PF1580, P135/PF2741, P148/PF2734/P148.1/P148.2, CTS11726/PF2765, PF2591/M3639, Y1801, PF2694/F2245/M3709, M3760/CTS11471/PF2764, PF2683/F2048/M3701/V3268, Y1806/FGC2056, TY3619/CTS7981/PF2710, M3725/CTS8985/PF2721.

CTS9534/PF2727/M3733, F719/M3636/IMS-JST003305/V1029/IMS-JST00305, P157/PF2771
 L929/PF2605/M3643, L132.1/L132/L132.2/PF1437, YSC0001297/F1209/M3654/V1990, Y2888
 P158/PF2706, PF2614/F1089/M3649/V1597, M3771/CTS12632/PF2775,
 M3673/CTS1911/PF2649, M3729/CTS9317/PF1767, PF2748/M3751,
 YSC0001308/PF2709/F2587/M3719, PF2736/F3111/M3740, PF2598, PF2600,
 PF2758/F3335/M3754, PF2731/F2985/M3736/V3919, L470/PF2730/M3735/V3900,
 PF2635/M9059, M3720/CTS8014/PF2711, PF2737/F3136/M3741, PF2592,
 M3712/CTS6542/PF2699, PF2616/F1149/M3653, Y1807/FGC6229,
 M235/PF2665/PAGE80/PAGES00080, M3706/CTS5948/PF1695, PF2639
 M3689/CTS3654/PF2667, PF2597, PF2729/F2964, PF2742/F3254/M3746,
 M213/P137/PF2673/PAGES00038/PAGE38, CTS10213/PF2733/M3738, PF2770/M3767
 F3556/M3765/PF1914, P161/PF2719, Y1822, M3640/CTS540/PF1506, PF2621/F1320/M3657
 CTS5264/PF2684, PF2643, CTS2220/PF2656/M3679/MF624945, PF2744/M3748
 PF2634/M9058, PF2688/F2142, PF2593, PF2609/M3645, PF2628/M3662,
 PF2772/F3616/M3769, PF2749/M3752, Y1809/FGC2046, CTS6135/PF2693/M3708
 L1074/CTS4267/PF2674/M3694, PF2626/F1416/M3660, M3682/CTS2480/PF2659, PF2752
 Y1805/FGC2055, CTS3868/PF2669, PF2590/V205/M3638, PF2769/M3764
 PF2653/F1714/M3677, M3773/CTS12673, PF2596, P139/PF2698, PF2740/M3744, M89/PF2746
 M3724/CTS8638, PF2627/M3661, CTS3536/PF2666/M3688, PF2588/M3635/CTS71
 CTS12138/PF2774/M3770, PF2743/M3747, PF2594, PF2695/M3710/F3947, P187/PF2632
 P316/PF2696, F3692/M3650, PF2658/F1753/M3681, PF2700/F2402/M3714,
 PF2722/F2837/M3726/V3477, M3713/CTS6843/PF1720, PF2608, PF2718/F2710/M3723
 YSC0001295/PF2610/F1046/M3646/V1355, P142/PF2604, PF2631/M3665,
 CTS7002/PF2701/M3715, CTS4557/PF2679/M3698, CTS1468/PF2607/M3644
 M3696/CTS4443/PF2677, CTS5432/PF2687/M3702, M3721/CTS8467/PF2715
 M3687/CTS3195/PF2664, PF2619/F1285/M3655/V2194, F3512/PF1911, Y1803/FGC2053
 M3728/CTS9280/PF2724, Y1463/FGC7686, P163/PF2686, L851/CTS11821/PF2767/M3762
 F773, PF2630/M3664, CTS11150/PF2761/M3758, PF2690/F2155/M3704, P160/PF2618
 P140/PF2703, Y1820/FGC2062, PF2613, M3755/L508/PF2759/FGC2052
 CTS11819/PF2766/M3761, PF2646, PF2738/M3742, P134/PF2606, CTS3944/PF2670/M3691
 M3697/CTS4470/PF2678, PF2611/M3647 P166/PF2702, Y1808, CTS2097/PF2654/M3678
 CTS10290/PF2735/M3739, Y1812, L313/PF1426/M3651/V1644, P14/PF2704, PF2750/M3753
 F3561/M3766, P141/PF2602, M3718/CTS7878, P136/PF2762, PF2685/F2075,
 L543/PF2663/M3686/V2513, P146/PF2623, L350/PF2692/M3707, Y1799/FGC2061
 CTS1932/PF2650/M3674, PF2716/F2688/M3722, PF2629/M3663, PF2612/M3648
 P149/PF2720, L498/PF2707/M3717, M3731/CTS9418/PF2726, M3756/CTS10983/PF2760
 PF2713, PF2660/F1767/M3683, CTS2041/PF2652/M3676, PF2599, Y1813, P133/PF2636.



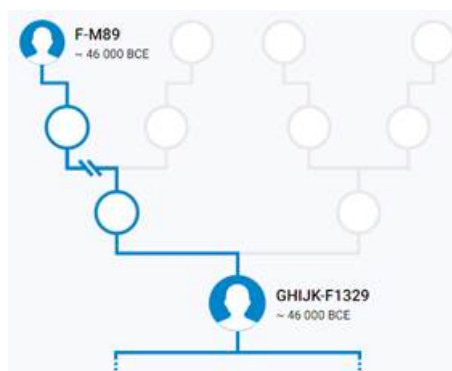
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/F-M89/story> [30]

Предок (сопредок) **ГНІІК-F1329 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции

8720990 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 48800 лет назад в интервале 51400 <-> 46300 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла GHIJK-F1329 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: YSC0001299/PF2622/F1329/M3658/V2308, M3684/CTS2569/PF2661.

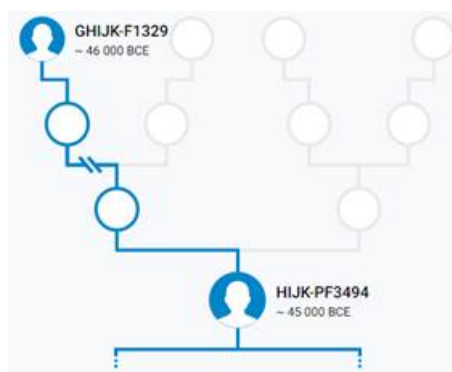


<https://www.yfull.com/tree/GHIJK/> [40]



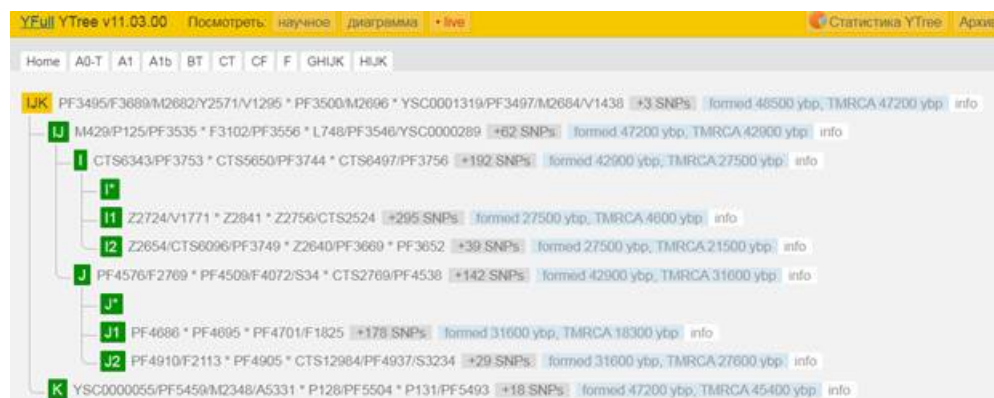
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/GHIJK-F1329/story> [30]

Предок (сопредок) **HIJK-PF3494 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7334662 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 48500 лет назад в интервале 50900 <-> 46200 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP PF3494 – F929 и M578.

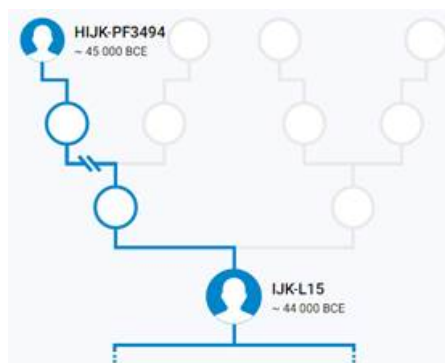


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/HIJK-PF3494/story> [30]

Предок (сопредок) **IJK-L15 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 6885478 произошла необратимая однонуклеотидная мутация А > G. По данным YFull это событие произошло примерно 48500 лет назад в интервале 50900 <-> 46200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла IJK-L15 – это приблизительно 6 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: L16/M522/S138/PF3493, YSC0001319/PF3497/M2684/V1438, L15/M523/S137/PF3492/Z4413, PF3495/F3689/M2682/Y2571/V1295, PF3500/M2696, YSC0001318/PF3496/M2683.

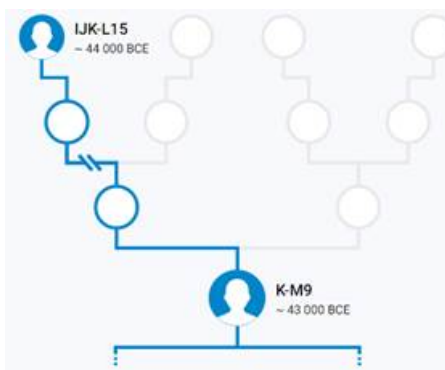


<https://www.yfull.com/tree/IJK/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/IJK-L15/story> [30]

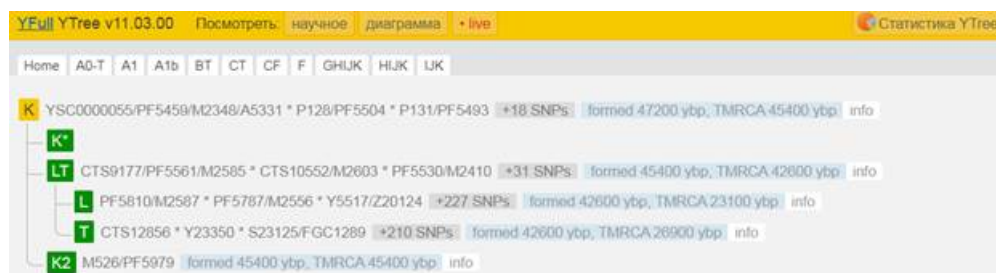
Предок (сопредок) **К-М9 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 19568371 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > G. По данным YFull это событие произошло примерно 47200 лет назад в интервале 49700 <-> 44600 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла К-М9 – это приблизительно 21 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF5507/M2697, PF5469/V104, CTS10976/PF5509/M2698, PF5488/M2351, L469/PF5499/M2689, PF5490/F1765/M2685, PF5495/F2006/M2688/V3169 YSC0000055/PF5459/M2348/A5331, M2352/CTS2071/PF5489, PF5503/F3026/M2694/V4038 Y440/FGC221, L819/CTS4265/PF5494/M2686, PF5470, PF5500/F2548/M2692 YSC0000222/PF5505/L1346/M2695, CTS9278/PF5501/M2693, Y397, M9/PF5506/TY3327 P132/PF5480, P128/PF5504, P131/PF5493.



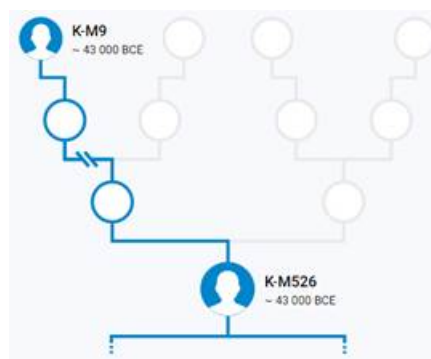
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/K-M9/story> [30]

Предок (сопредок) **К2-М526 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 21389038 произошла необратимая однонуклеотидная мутация А > С. По данным YFull это событие произошло примерно 45400 лет назад в интервале 49600 <-> 41400 лет назад (formed

CI 95%). Синонимное название для SNP M526 – PF5979.

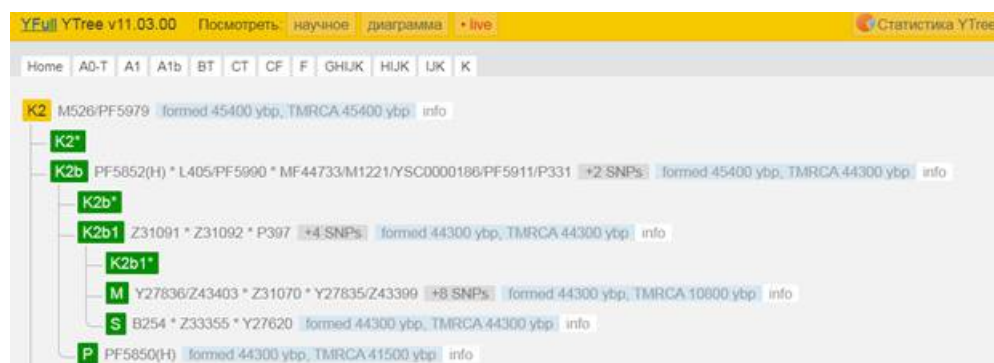


<https://www.yfull.com/tree/K/> [40]

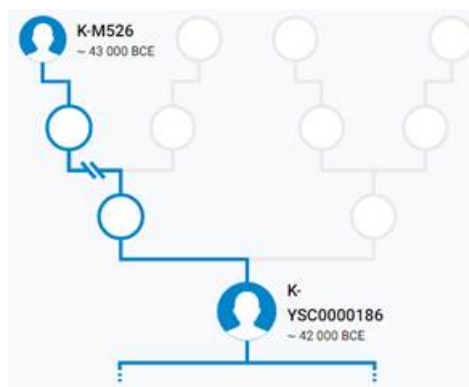


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/K-M526/story> [30]

Предок (сопредок) **K2b-YSC0000186 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 14110681 произошла необратимая однонуклеотидная мутация C > T. По данным YFull это событие произошло примерно 45400 лет назад в интервале 49600 <-> 41400 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла K2b-V1651 – это приблизительно 5 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: MF44733/M1221/YSC0000186/PF5911/P331, PF5852, PF5969, L405/PF5990, M1205/CTS2019.

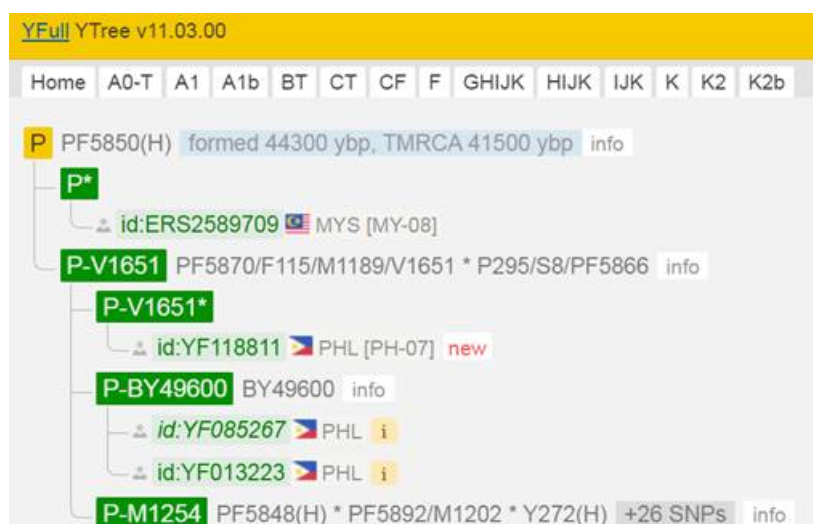


<https://www.yfull.com/tree/K2/> [40]

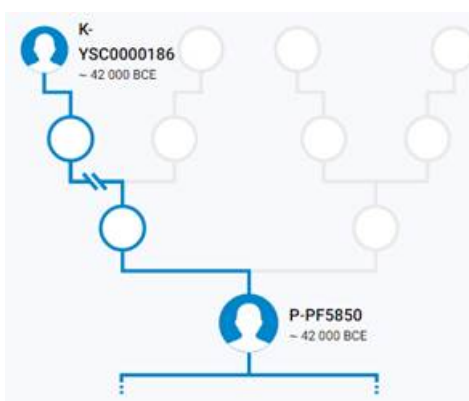


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/K-YSC0000186/story> [30]

Предок (сопредок) **P-PF5850 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 4853930 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > А. По данным YFull это событие произошло примерно 44300 лет назад в интервале 45400 <-> 43000 лет назад (formed CI 95%).



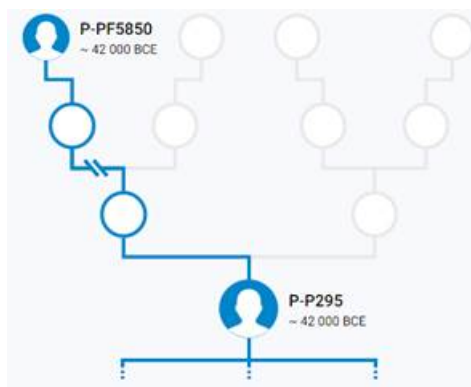
<https://www.yfull.com/tree/P/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/P-PF5850/story> [30]

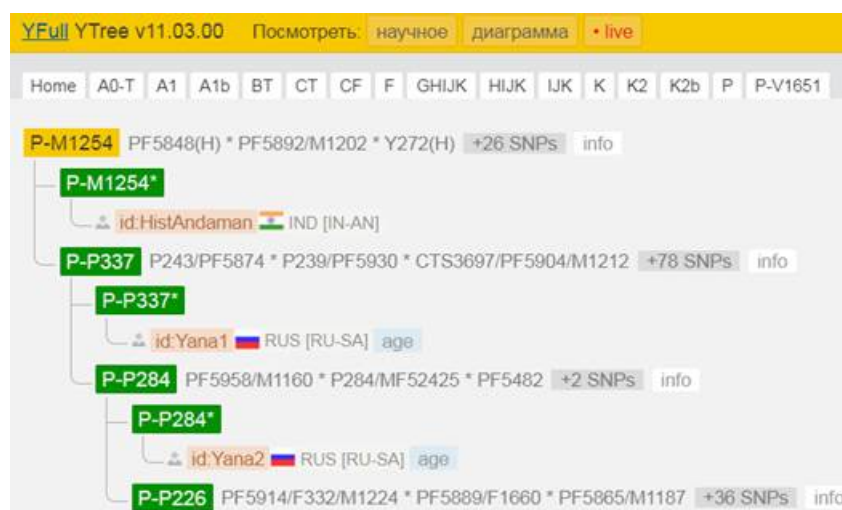
Предок (сопредок) **P-V1651 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 8266663 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > А. В YFull YTree время появления данного субклада не указано, но, учитывая тот факт, что он следующий нисходящий после P-PF5850, то это событие произошло примерно тогда же, а именно 44300 лет назад в интервале 45400 <-> 43000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла P-V1651 – это приблизительно 2 потенциальных

биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF5870/F115/M1189/V1651, P295/S8/PF5866.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/P-P295/story> [30]

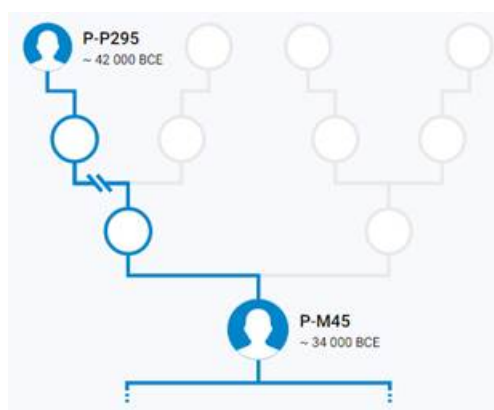
Предок (сопредок) **P-M1254 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 18960100 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > T. В YFull YTree время появления данного субклада не указано, но, учитывая тот факт, что он следующий нисходящий после P-PF5850, то это событие произошло примерно тогда же, а именно 44300 лет назад в интервале 45400 <-> 43000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла P-M1254 – это приблизительно 29 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y448/FGC216, Y450, Y451, CTS3316/M1209, Y446, Y463/Z3131, M1270/CTS11173/PF5974, Y444, Y462/FGC212, Y267, Y458/FGC217 Y455/FGC213, PF5848, Y456/FGC286, CTS5418/PF5912/M1222, PF5853, PF5892/M1202 PF5461, PF5468, Y466, PF5968/M1266, Y272, Y1816, Y454, PF5935, PF5993/Z1244 PF6062/M1254, Y447/FGC211, Y503_2.



<https://www.yfull.com/tree/P-M1254/> [40]

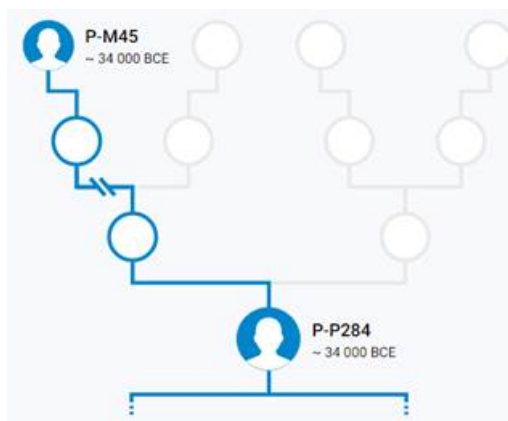
Предок (сопредок) **P-P337 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 12786160 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. В YFull YTree время появления данного субклада не указано. В FTDNA после субклада P-P295 сразу следует P-M45/PF5962, который филогенетически эквивалентен P-P337, однако P-M45/PF5962 отсутствует в Y-отчёте. Филогенетические сопредки узла P-P337 – это приблизительно 81 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: CTS3446/PF5902/M1211, PF5965/M1265, M1216/YSC0000176/PF5908/V2979, CTS7481/PF5926/M1234, PF5465, Y45/M1208

P27.1_1/P207/P27.2_1/P27_1, PF5471, YSC0001257/CTS1907/PF5894/M1204, V231/PF5862/F91, M1235/CTS7604/PF5928, M1186/YSC0000279/PF5864, CTS3509/PF5903/M1103, PF6066/M1258, CTS7244/PF5924/M1233, PF5855, L1185/CTS9162/PF5937/M1241, CTS12299/PF5987, PF5981/F671/M1274, Y474/M1191, PF5975/F640/M1271/MF53797, PF5881/F180/M1196, PF5952/M1255, PF5861/F83/M1185/V1195/MF37664, PF5980/F653, L471/PF5989, M1250/CTS10085/PF5948, L779/PF5907/YSC0000251/V2974, PF5956/M1259, M1218/CTS4944/PF5909/V3240, L821/PF5857/F29/M5579, M1228/CTS5884/PF5917, PF5849, Y1610, PF5887, F313/M1219, PF5885/F212/M1198, L721/PF6020, PF5991/F4/M1183, Y503_1, PF5483, PF5846/M1184/CTS216, MF49095/F506/PF5940/M1243/YSC0000966/V3529, PF5878/M1194/MF14680, M1269/CTS10859, M1237/CTS8356/PF5931, PF5869/M1188, PF5959/M1261, PF5845/CTS196/V1079, PF5867, PF5888/V5158, CTS6948/PF5922/M1231/MF46647, PF5999, PF5978/F647/M1273, V607_1/Y483_1, CTS10348/PF5950/M1252, Y507/M1267, PF5851, L768/PF5976/YSC0000274, CTS8626/PF5934/M1239/MF48306, PF5876/M1193, M1246/YSC0000270/PF5943/V3732, M1220/CTS5340/PF5910/MF15401, PF5901/F1857/PAGES00083/PAGE83/P337, CTS3697/PF5904/M1212, CTS5808/PF5915/M1226, PF5871/M1190, M1249/CTS10081/PF5947, PF5982, PF5882, PF5916/F344/M1227, PF5886/M1199, M1238/CTS8473/PF5933, PF5464, FGC285, P244/PF5896/P244.1/P244.2, P237/PF5873, P281/PF5941, P239/PF5930, P228/PF5927, P243/PF5874.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/P-M45/story> [30]

Предок (сопредок) **P-P284 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 19910454 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > G. В YFull YTree время появления данного субклада не указано. Филогенетические сопредки узла P-P284 – это приблизительно 5 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF5958/M1160, PF5482, PF5854, P284, PF5883/M1197.

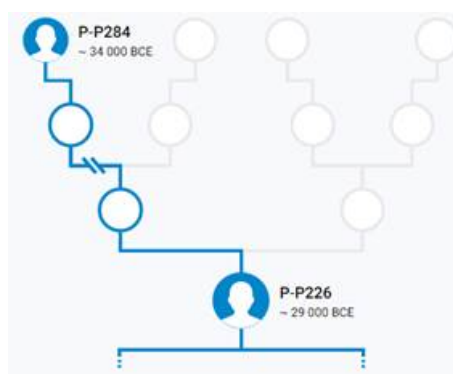


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/P-P284/story> [30]

Предок (сопредок) **Р-Р226 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 8977339 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. В YFull YTree время появления данного субклада не указано. Филогенетические сопредки узла Р-Р226 – это приблизительно 39 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF5487/M1201, M1109/CTS4437, PF5880/M1195, CTS3736/PF5905/M1213, PF5955/M1257, PF5954/M1256/MF51014, P235/PF5946, CTS12028/PF5977/M1272, M1264/YSC0000227/F597 CTS7886/PF5929/M1236, CTS3135/PF5898/M1206, P283/PF5966, PF5951/F556 M1253/CTS10454, PF5964/M1263, PF5476, CTS3813/PF5491/M1215, PF5872/M1192/V1809.1 M1232/CTS7194/PF5923, M1240/YSC0000205/PF5936, CTS3358/M1210/PF5899/PF5900 PF5994, M1149/CTS10168/PF6061, L82/PF5972, PF5971, YSC0001285/CTS5673/PF5497/M1225, PF5865/M1187, PF5985, L781/PF5875/YSC0000255 Y1403/FGC83, PF5914/F332/M1224, PF5920/F359/M1229, L536/PF5860, PF5889/F1660 PF5945/F524/M1248, PF5473, P230/PF5925, M74/N12/PF5963/MF52086, P226/PF5879.



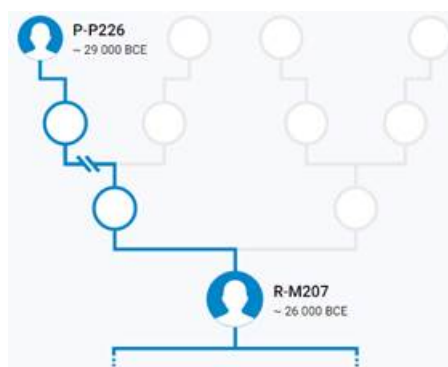
<https://www.vfull.com/tree/P-P226/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/P-P226/story> [30]

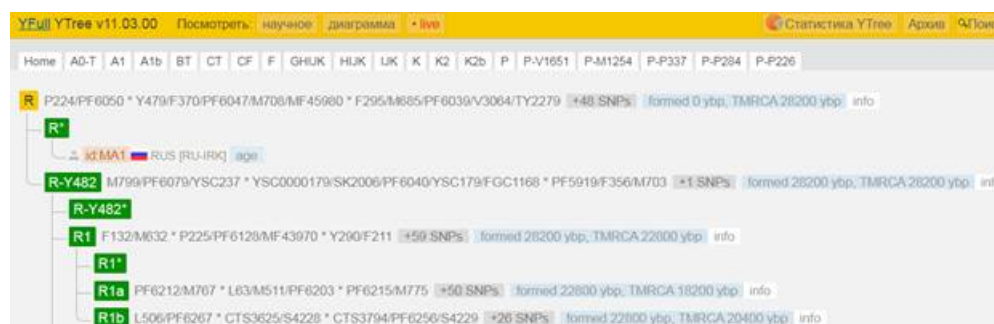
Предок (сопредок) **R-M207 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 13470103 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. В YFull YTree время

появления данного субклада не указано, приведено лишь TMRCA – 28200 лет назад в интервале 30500 <–> 25900 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-M207 – это приблизительно 51 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y472/F47/M607/PF6014/S9, M732/CTS8311/PF6055, M696/CTS5815/PF6044 L248.1/L248.2/PF6045/L248/M705/M705.3, V3272, CTS9200/PF5938/V3466, Y480, PF5868/M628, L760/PF5877/YSC0000286/M642, Y471, PF5953/M764, L747/PF5918/YSC0000287/M702, Y437/FGC207, Y479/F370/PF6047/M708/MF45980 F295/M685/PF6039/V3064/TY2279, Y441, YSC0001265/CTS3229/PF6036/M672/V2573 F675/PF6084, CTS7876/PF6052, PF5992/M600/CTS207, M788/CTS10663/PF6075 CTS2913/PF6034/M667, PF6013/F33/M603, A18557/M795/CTS11075/PF6078 Y296/M651/PF6024, PF6002, M741/CTS9005/PF6058, F154/M636/PF6021/V2252 F652/M805/PF6082, Y453/FGC202, P227, Y460/FGC204, CTS7880/PF6053/M725 YSC0000233/PF6077/L1347/M792, PF6016/F63/M614, Y442/FGC205, CTS3622/PF6037 YSC0000232/M789/L1225/PF6076, Y506/M760/PF6063, F82/M620/V1194/MF37663 CTS2426/PF6033/M661, Y469, Y457/FGC208, P280/PF6068, P224/PF6050 M207/UTY2/PF6038/PAGES00037/PAGE37, P285/PF6059/FGC201, P232 YSC0000201/PF6057/M734/S4, Y125018, P229/PF6019.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M207/story> [30]

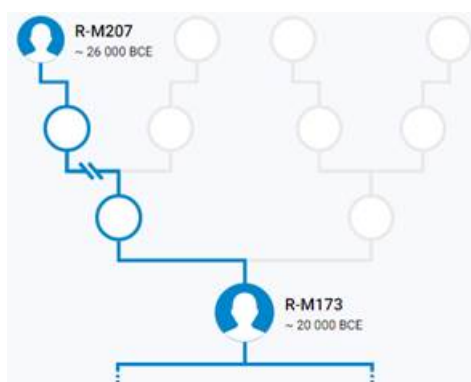
Предок (сопредок) **R-Y482 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 15905648 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > T. По данным YFull это событие произошло примерно 28200 лет назад в интервале 30500 <–> 25900 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-Y482 – это приблизительно 4 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y482/PF6056/F459, YSC0000179/SK2006/PF6040/YSC179/FGC1168, PF5919/F356/M703, M799/PF6079/YSC237.



<https://www.yfull.com/tree/R/> [40]

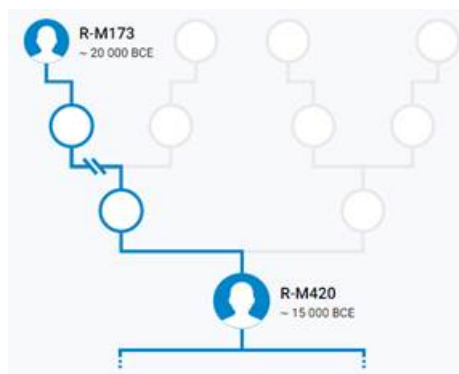
Предок (сопредок) **R1-M173 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 12914512 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > C [26]. По данным YFull это

событие произошло примерно 28200 лет назад в интервале 30500 <-> 25900 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R1-M173 – это приблизительно 62 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF6120, M710/YSC0000192/PF6132, PF6073, Y481/M716, PF6011/FGC193, Y305/PF6031/FGC189, M717/CTS7122/PF6135, PF6118/M640, M654/CTS1913/PF6032, PF6110, Y449, M306/S1/PF6147/MF53060, Y464/PF6008/FGC218, Y400, YSC0001281/CTS4862/PF6042/M691, PF5859/M611/CTS916/Z2133, CTS3321/PF6125/M673, M694/CTS5611/PF6130, L875/PF6131/YSC0000288/M706, CTS3123/PF6124/M670, P233/PF6142, Y459, M748/YSC0000207, Y477/PF6121/F245/M659, Y512, M781/PF6145, Y452/FGC203, YSC0000230/L1352/M785/BZ3050, CTS2680, M813/CTS12618/PF6089, P245/PF6117, Y436, Y513, PF6007, F132/M632, P294/PF6112/FGC13894, M643, FGC190, Y470, PF6119, PF6133/F378/M711, P286/PF6136, M682/CTS4075/PF6127, M714/CTS7066/PF6049, P242/PF6113, P238/PF6115, PF6116/F102/M625/V1478, Y467/FGC194, FGC206, M663/CTS2565/PF6122, P236/PF6137, P225/PF6128, M812/CTS12546/PF6088, PF6146/FGC465, CTS2908/PF6123/M666, Y465/FGC198, M730/CTS8116/PF6138, Y290/F211, PF6111/M612/CTS997, P234/PF6141, M173/P241/PF6126/PAGES00029/PAGE29, Y125013.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M173/story> [30]

Предок (сопредок) **R1a-M420 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 21311315 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > А. По данным YFull это событие произошло примерно 22800 лет назад в интервале 25100 <-> 20500 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R1a-M420 – это приблизительно 53 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: PF7527/F2948/M752/V3820, CTS5164, Y209/FGC32015, CTS6918/PF6196, CTS12321, CTS8851/M740, CTS11734/PF6226/M800, CTS9515/M744, CTS5936/PF6192/M698, L145/M449/PF6175, PF6179/F1769/M662, PF6153/F886, CTS4509/M687, L63/M511/PF6203, PF6160/F1088/M629, CTS7559, CTS3877/PF6184, CTS11530, CTS9596/PF6205/M745/V3655, PF6233/F3570, Y216/M784, PF6163, Y218, PF6213/M768, M644, CTS2907/M665, PF6212/M767, CTS11148/M796, PF7534/F3466/M803, CTS8008/M726, CTS12746/M815, Y215/FGC32014, PF6222/F3364/M794, CTS10627/M786, L62/M513/PF6200, L566/PF7512, L146/M420/PF6229, PF6215/M775, Y217/FGC32438, CTS903/PF6154/M610, CTS5273/PF6190, L457/PF6191, F928/M616, CTS9667, Y194, Y1404/FGC89, Y195, Y1424/FGC92, Y190, CTS12639/PF7535/M814, Y212/M783, PF6189, PF7516/M641.

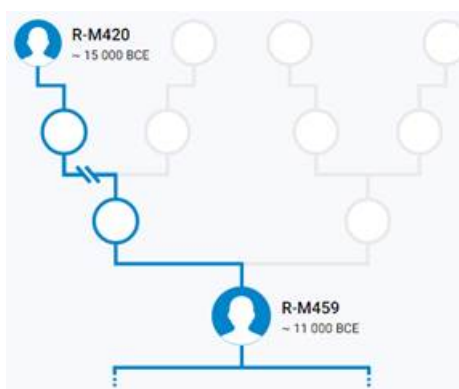


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M420/story> [30]

Предок (сопредок) **R-M459 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7038033 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. По данным YFull это событие произошло примерно 18200 лет назад в интервале 20100 <-> 16400 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-M459 – это приблизительно 54 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y1975/FGC2548, CTS11411/M798, CTS9739/M749, CTS10847/PF6221/M791, PF7531, PF6159/M626, F1224/V2035, CTS10042/PF6207/M754, PF6194/F2215/M701, PF6172, CTS5287, PF7514/M623/V1412, PF6230/F3494/M804, PF6170/M650, PF6204/F2901/M742/V3610, M459/PF6235, CTS3984/PF6185/M681/V2878, F937, CTS3548/M678/V2747, L122/M448/PF6237, PF6156/F947/M617, PF7522/F2328/M709, CTS7500/PF6199/M722, L120/M516/PF6236, PF7542, Y214/FGC32011, CTS11633, PF6214/M769, F3197/M774, PF6168/F1545/V5016, CTS3943/M680, CTS2132/PF6176/M658, F3564/M5824/F3564.2/M5824.2, Y172, PAGE65.2!/SRY1532.2!/SRY10831.2!/PF6234!/Page65.1/SRY10831.2/PAGE65.2/SRY1532.2, CTS11853/PF6227, PF6164/F1157/M631/V1855, PF6211/M766, PF6220, Y1270, CTS501/PF6152/M604, Y187, CTS1963, Y1420, CTS11706, Y173, Y1425/FGC90, Y183, PF6151, CTS2443/PF6178, FGC85, M602, Y191, CTS836/M609.



<https://www.yfull.com/tree/R-M459/> [40]

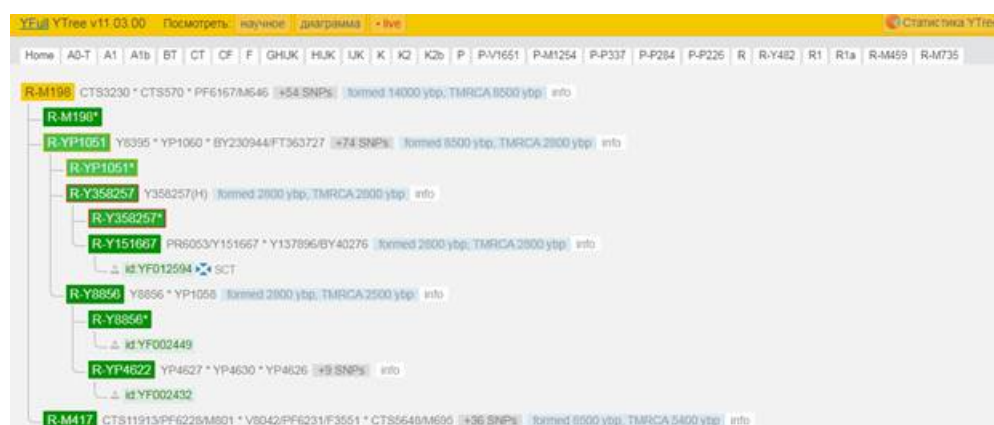


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M459/story> [30]

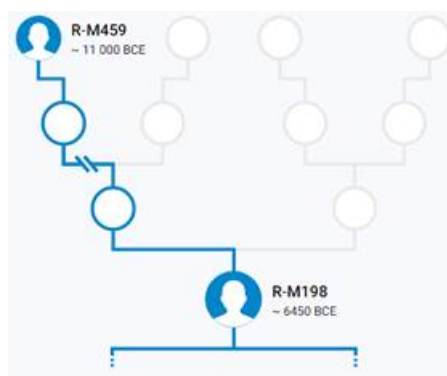
Предок (сопредок) **R-M735 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 16009389

произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 15200 лет назад в интервале 17600 <-> 12900 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-M735 – это приблизительно 6 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: CTS3527/M676, CTS5437/M693, PF7528/M770, CTS4812/PF6187/M690, CTS8637/M736, CTS8636/M735.

Предок (сопредок) **R-M198 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 12918840 произошла необратимая однонуклеотидная мутация C > T. По данным YFull это событие произошло примерно 14000 лет назад в интервале 15600 <-> 12400 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-M198 – это приблизительно 57 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: CTS262/M601, Y210/FGC32013, CTS9690/M747, CTS9779, Y220/M807, F4138, L449/PF6223, Y2363/M12464, CTS11184/PF6224/M797, M512/PF6239, CTS570, CTS3551/PF6183, F4099/M633/V1902, L168, PF6181/F1808/M668, Y206/M758, F989/M619/V1190, CTS8797/M738, CTS2891/M664, M647 Y170, M514/PF6240, Y221/M808, CTS3534/PF7518/M677, F3194/M773, CTS11720 Y205/FGC32012, M515, CTS4465/PF7519/M686, PF6216/M779, CTS3230, Y196/FGC36392 PF6201/F2684/M733, F1050/M622/V1380, F3337, M198/PF6238, F3185/M771, CTS1619/PF6173/M653, Y185, PF6167/M646, CTS8710/M737, CTS7072/M715, CTS3004/M669, Y188, Y179, Y186, CTS8073/M728, Y189, CTS8090/M729, Y184/Z10068, CTS7690/M724 Y192, Y207/M765, CTS9496/PF7526/M743, Y174, CTS3161/PF6182/M671, CTS8825/M739.



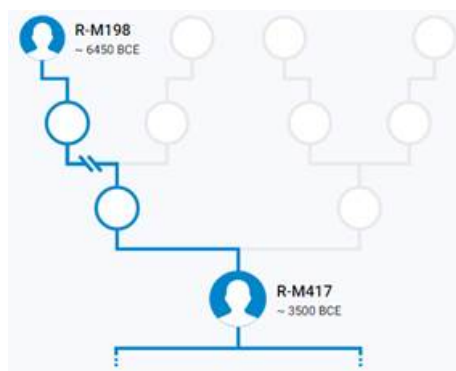
<https://www.yfull.com/tree/R-M198/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M198/story> [30]

Предок (сопредок) **R-M417 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 8665694 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 8700 лет назад в интервале 10000 <-> 7500 лет назад (formed CI

95%). Филогенетические сопредки узла R-M417 – это приблизительно 39 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: CTS7278/PF7524/M721, PF6210/M757, CTS11913/PF6228/M801, CTS1340/PF6157/M618, Y1974/FGC2547, V8042/PF6231/F3551, CTS7191/PF6198/M719, CTS10993/M793, CTS5069, PF7530, CTS4259/PF6186/M683, PF6195/F2234/M704, PF7540/M759, PAGE7/PAGES00007, CTS5648/M695, PF7532/F3398, M630/V1720, CTS5423/M692, M417, Y1976/FGC2550, CTS10080/PF6208/M755, CTS9510/V3625, PF6169/M649, F3166/M763, M627, F3159/M761, PF6218/M782, CTS12941/M817, PF6165/M637, CTS5979/PF6193/M700, Y219/M806, F2957/M753/V3842, CTS6423, FGC87, Y176, CTS6544/M712, CTS1924/PF6174/M655, Y171, Y181.

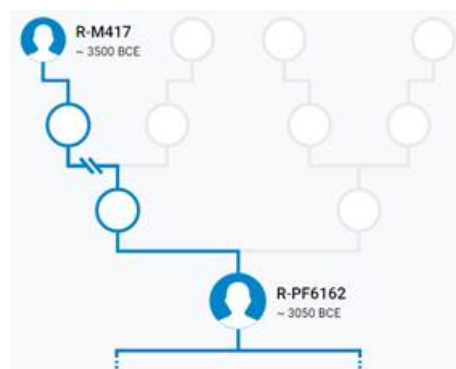


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M417/story> [30]

Предок (сопредок) **R-Z645 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 8377004 произошла необратимая однонуклеотидная мутация C > T. По данным YFull это событие произошло примерно 5400 лет назад в интервале 6000 <-> 4700 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-Z645 – это приблизительно 8 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Z647/S441/PF6158, Z651/F3044/V4100, Z649/CTS5508, Z648/CTS12010/PF7533/M802, Z650/CTS9754/PF6206/M750/V3726, Z645/S224/PF6162/V1754, Z646/CTS6596/M713/S346, CTS12179/M811.



<https://www.yfull.com/tree/R-Z645/> [40]

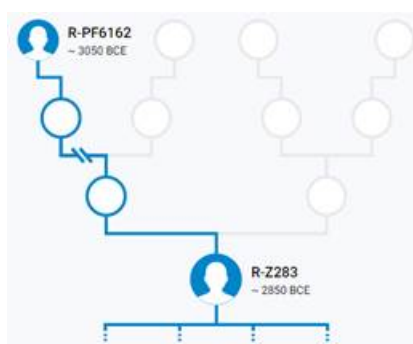


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-PF6162/story> [30]

Предок (сопредок) **R-Z283 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 19814417 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > А. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 5400 <-> 4600 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-Z283 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Z283/S339/PF6217, Z662/CTS11197/PF6225.



<https://www.yfull.com/tree/R-Z283/> [40]

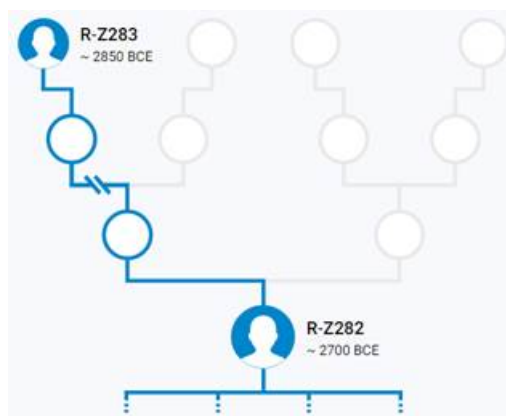


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Z283/story> [30]

Предок (сопредок) **R-Z282 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 13476521 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > С. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 <-> 4000 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP Z282 – S198 и V3055.



<https://www.yfull.com/tree/R-Z282/> [40]



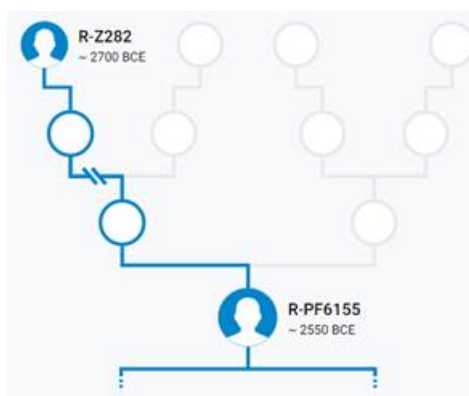
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Z282/story> [30]

Предок (сопредок) **R-PF6155 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7387314

произошла необратимая однонуклеотидная мутация $A > G$. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 \leftrightarrow 4000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-PF6155 – это приблизительно 7 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Y2459/FGC2603/M12404, Z2915, PF6161/Z2906/V1747, Z2912, Z2913, PF7525/Z2910, PF6155/Z2905/S4545.

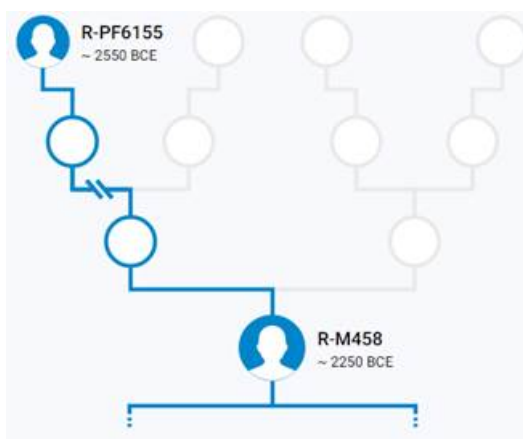


<https://www.yfull.com/tree/R-PF6155/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-PF6155/story> [30]

Предок (сопредок) **R-M458 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 22220317 произошла необратимая однонуклеотидная мутация $A > G$. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 \leftrightarrow 4000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-M458 – это приблизительно 4 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: M458/PF6241, PF6219/Z2911/S4549, PF6202/Z2909/S4555, Y2911/FGC2634/M12425.

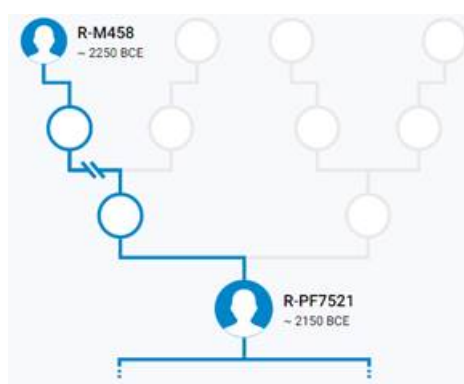


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-M458/story> [30]

Предок (сопредок) **R-PF7521 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 13917476 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > C. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 <-> 4000 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP PF7521 – Z2908 и S4567.

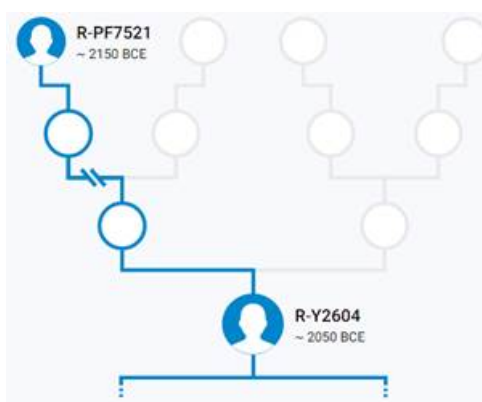


<https://www.yfull.com/tree/R-PF7521/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-PF7521/story> [30]

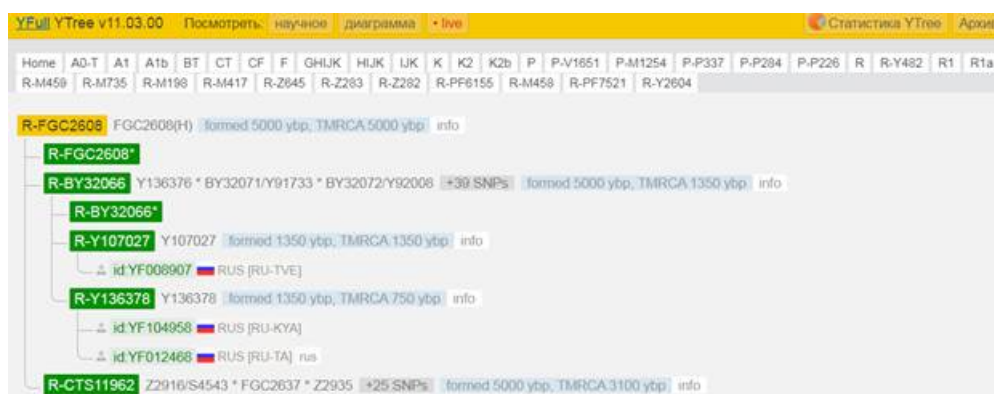
Предок (сопредок) **R-Y2604 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 15955572 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > G. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 <-> 4000 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-Y2604 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Z2914, Y2604/FGC2628/M12420.



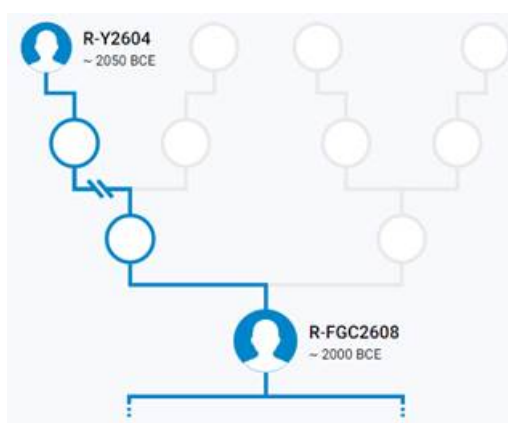
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y2604/story> [30]

Предок (сопредок) **R-FGC2608 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 4311764 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 <-> 4000 лет назад (formed CI

95%).

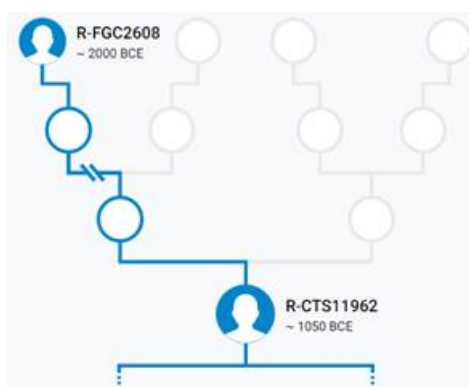


<https://www.yfull.com/tree/R-FGC2608/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-FGC2608/story> [30]

Предок (сопредок) **R-CTS11962 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 21221843 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 5000 лет назад в интервале 6000 <-> 4000 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP YP417 – V3192, FGC20517, M12415. Филогенетические сопредки узла R-CTS11962 – это приблизительно 28 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: Z2947, Z2919/V1500, Z2932, Z2942, Y2462, Z2929/S4542, Z2933, Z2936, Z2934/S4557, Z2937, Z2930, Z2935, Z2948/V1632, FGC2637, Y2461, Z2943, Z2931, Z2939, Z2918, CTS11962/Z2953/Z2953.1/Z2953.2, Z2940, Z2928, Z2941, Z2944, Z2916/S4543, Y2460/FGC7770, Z2950, Z2921.



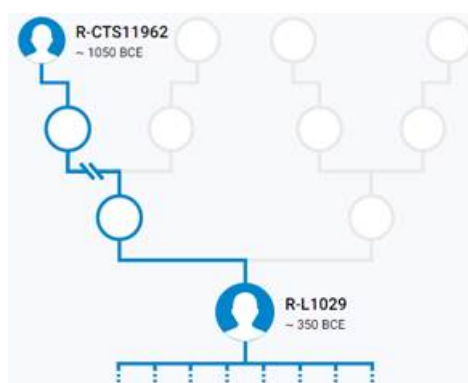
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-CTS11962/story> [30]

Предок (сопредок) **R-L1029 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 15825380

произошла необратимая однонуклеотидная мутация $A > G$. По данным YFull это событие произошло примерно 3200 лет назад в интервале 3800 \leftrightarrow 2600 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP YP417 – V3192, FGC20517, M12415. Филогенетические сопредки узла R-L1029 – это приблизительно 7 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом, включая синонимичные обозначения: L1029/S4554, Z2951, Y5342/FGC2617, Z2922, Z2954/S4548, Z2920, Z2938/S4546.



<https://www.yfull.com/tree/R-L1029/> [40]

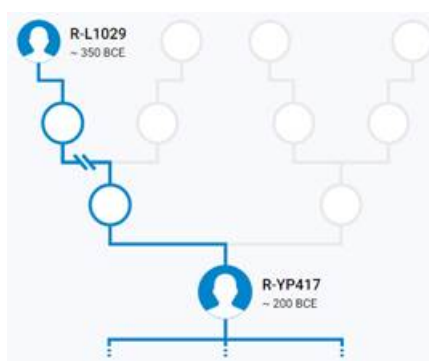


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-L1029/story> [30]

Предок (сопредок) **R-YP417 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 13756598 произошла необратимая однонуклеотидная мутация $G > A$. По данным YFull это событие произошло примерно 2100 лет назад в интервале 2300 \leftrightarrow 1900 лет назад (formed CI 95%). Синонимичные названия для SNP YP417 – V3192, FGC20517, M12415.



<https://www.yfull.com/tree/R-YP417/> [40]

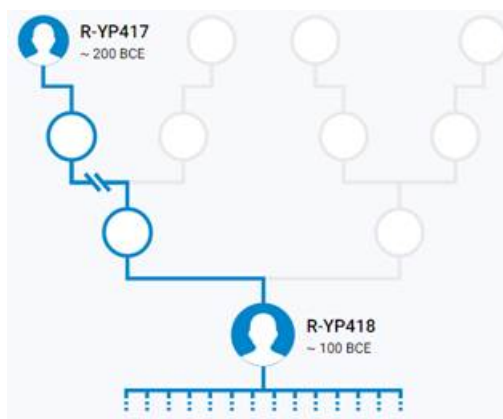


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-YP417/story> [30]

Предок (сопредок) **R-YP418 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7779691 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > T. По данным YFull это событие произошло примерно 2100 лет назад в интервале 2400 <-> 1800 лет назад (formed CI 95%). Синонимные названия для SNP YP418 – M12403 и V1330.



<https://www.yfull.com/tree/R-YP418/> [40]

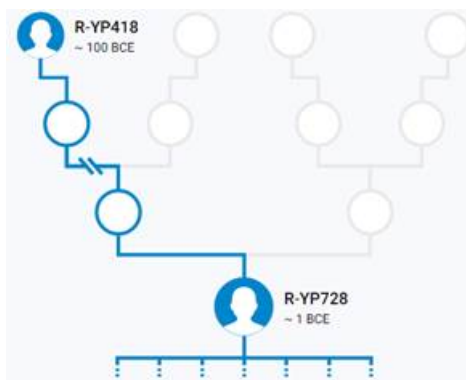


<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-YP418/story> [30]

Предок (сопредок) **R-YP728 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 7339125 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > C. По данным YFull это событие произошло примерно 2000 лет назад в интервале 2200 <-> 1850 лет назад (formed CI 95%).



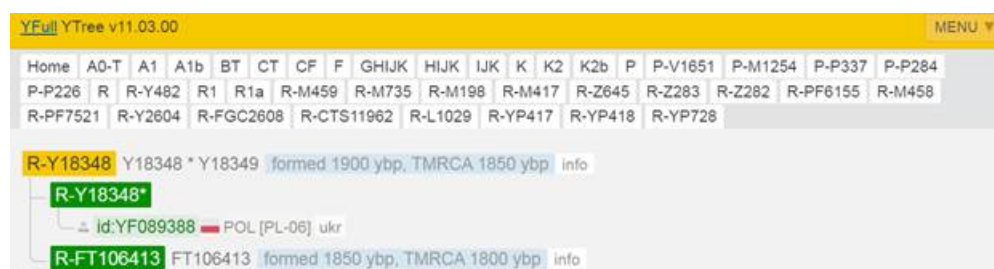
<https://www.yfull.com/tree/R-YP728/> [40]



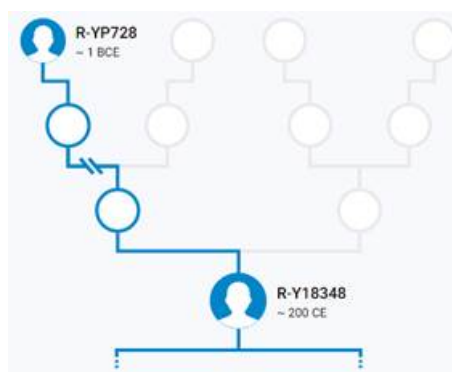
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-YP728/story> [30]

Предок (сопредок) **R-Y18348 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 9264197

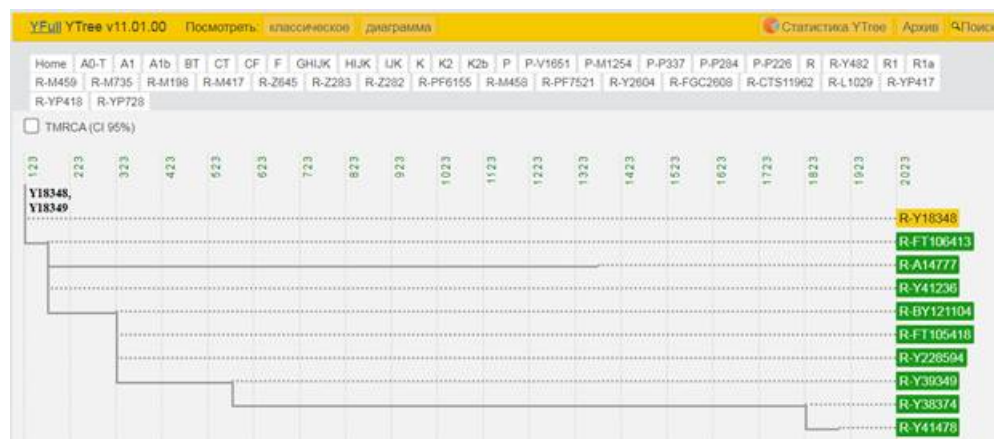
произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 1900 лет назад в интервале 2200 <-> 1600 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопредки узла R-Y18348 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом: Y18348, Y18349.



<https://www.yfull.com/tree/R-Y18348/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y18348/story> [30]

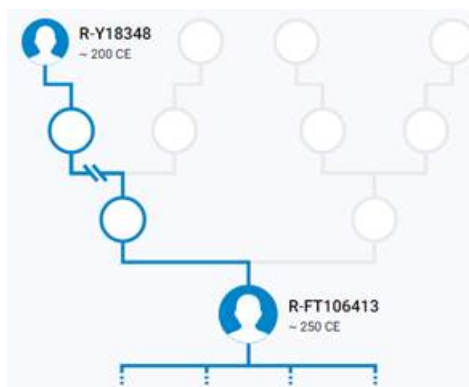


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y18348/> [40]

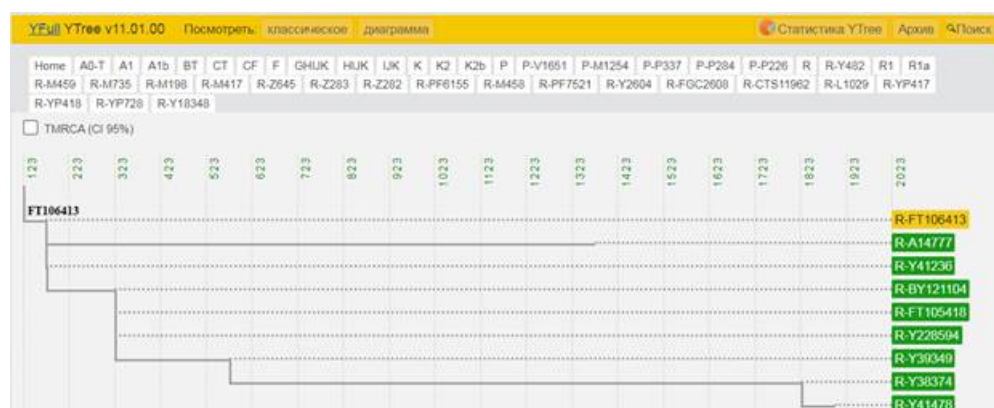
Предок (сопредок) **R-FT106413 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 26418953 произошла необратимая однонуклеотидная мутация А > G. По данным YFull это событие произошло примерно 1900 лет назад в интервале 2500 <-> 1350 лет назад (formed CI 95%).



<https://www.yfull.com/tree/R-FT106413/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-FT106413/story> [30]

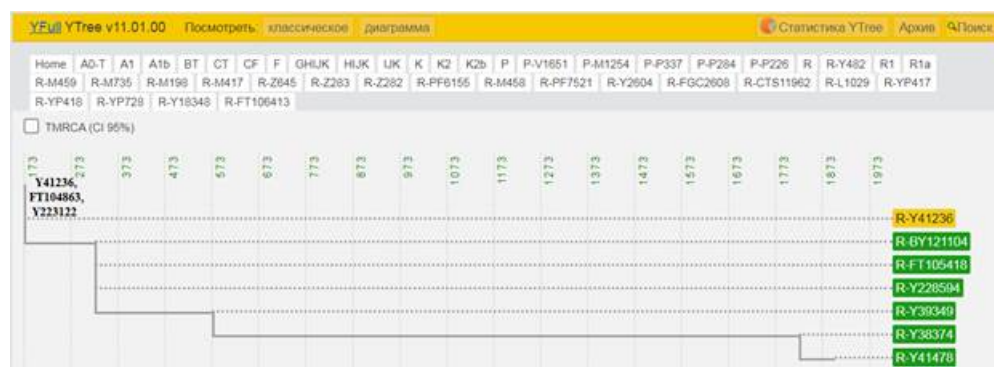


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-FT106413/> [40]

Предок (сопредок) **R-Y41236 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 13805982 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > A. По данным YFull это событие произошло примерно 1850 лет назад в интервале 2600 <-> 1200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-Y41236 – это приблизительно 3 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом: Y41236, FT104863, Y223122.

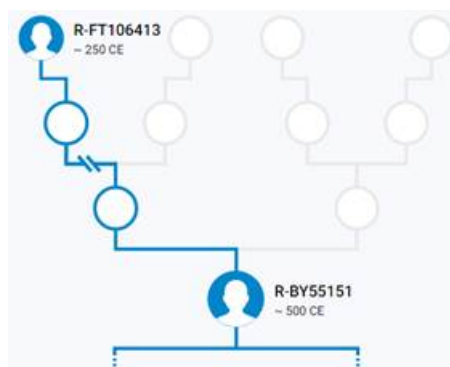


<https://www.yfull.com/tree/R-Y41236/> [40]

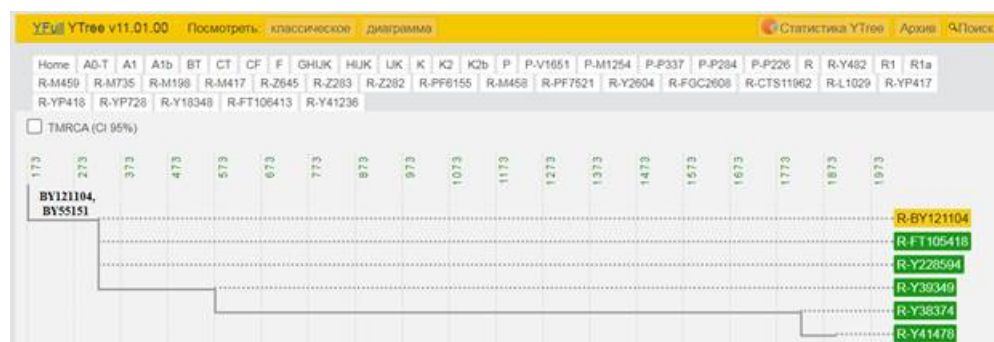


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y41236/> [40]

Предок (сопредок) **R-BY121104 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 16127684 произошла необратимая однонуклеотидная мутация Т > С. По данным YFull это событие произошло примерно 1850 лет назад в интервале 2600 <-> 1200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-BY121104 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом: BY121104, BY55151.



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-BY55151/story> [30]

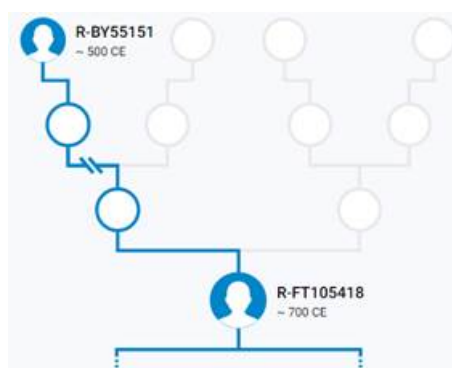


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-BY121104/> [40]

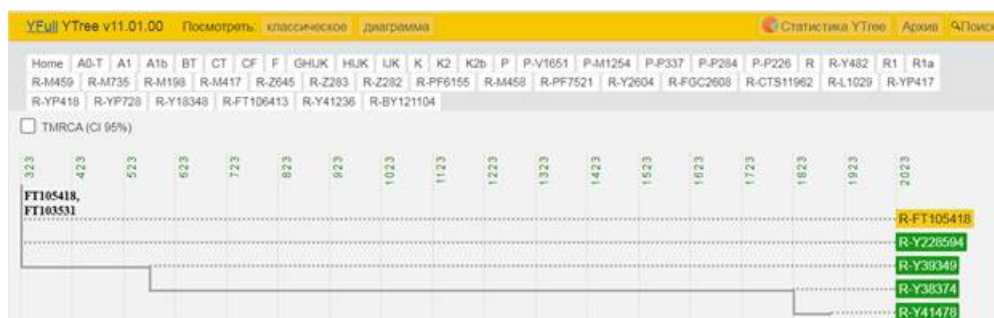
Предок (сопредок) **R-FT105418 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 14986412 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > T. По данным YFull это событие произошло примерно 1700 лет назад в интервале 2200 <-> 1200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-FT105418 – это приблизительно 2 потенциальных биологических мужских предка, которые поименованы следующим образом: FT105418, FT103531.



<https://www.yfull.com/tree/R-FT105418/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-FT105418/story> [30]

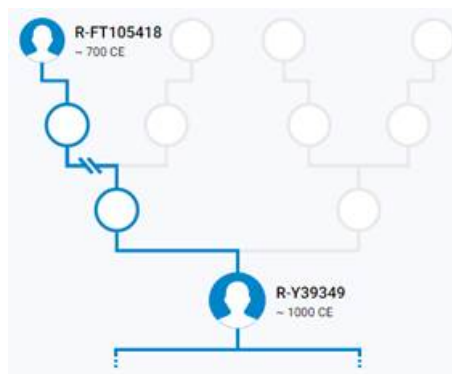


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-FT105418/> [40]

Предок (сопредок) **R-Y39349 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 8325641 произошла необратимая однонуклеотидная мутация A > T. По данным YFull это событие произошло примерно 1700 лет назад в интервале 2200 <-> 1200 лет назад (formed CI 95%). Филогенетические сопрепки узла R-Y39349 – это приблизительно 5 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом: Y39349, FT421608, Y43577, Y310066, Y263186.



<https://www.yfull.com/tree/R-Y39349/> [40]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y39349/story> [30]

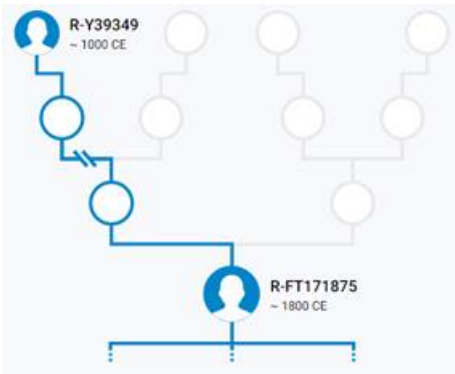


<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y39349/> [40]

Предок (сопредок) **R-Y38374 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 2827785 произошла необратимая однонуклеотидная мутация G > T. По данным YFull это событие произошло примерно 1450 лет назад в интервале 2100 <-> 900 лет назад (formed CI 95%) и оно не относится к документально-реконструированной родословной Нилоговых. Филогенетические сопредки узла R-Y38374 – это приблизительно 10 потенциальных биологических мужских предков, которые поименованы следующим образом: Y43086, Y42429, FT171875, Y40155, FT171852, Y41179, FT171889, Y38384, FT171841, Y38374. Они являются филоэквивалентными сопредками для R-Y38374, то есть приходятся на интервал почти в полторы тысячи лет, учитывая тот факт, что по принятой в YFull методике расчётов одна SNP-мутация возникает примерно раз в 144 года.

Сопредок R-Y38374 в качестве узлового выбран случайно: пока не будет определена последовательность восходящих и нисходящих снипов/сопредков – любой из десяти филоэквивалентов может стоять в основе ветвления линии. Важно то, что каждый из десяти – это реальный биологический мужской предок, у которого в Y-хромосоме однажды произошла необратимая SNP-мутация, унаследованная потомками подобно фамилии. Конечно, на протяжении 1500 лет, которые отведены для данного субклада, пришлось больше, чем десять прямых мужских предков: часть из них приходится на документально-реконструированную родословную (до конца XVI века), а большинство – либо безымянно для классической генеалогии, либо поименовано филогенетическим

способом, а именно посредством индексов SNP (см.: [48],[49])[27].



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-FT171875/story> [30]

Поиск в RAW-файле	
Образец:	YF095491 (R-Y41478) Hg38
ChrY позиция (CP086569.2):	2504616 (+strand)
ChrY позиция (Hg19):	2695826 (+strand)
ChrY позиция (Hg38):	2827785 (+strand) Yp11.2 combBED
Прочтений:	12
Инф. по позиции:	12T
Вес для T:	1,0
Вероятность ошибки:	0,0 (0<->1)
Аллель образца:	T
Аллель референса (Hg38):	G
Известные SNPs в этой позиции:	Y38374 G в T ★★★★★ YF YB
Сиквенс референса (100 п.о.):	ATTATGTTTATCTTTTATTTTAAAAACAGGATGTTCTCT G TCACCCAAGCTGGAGTCAATGGCAGGTCCATAGCTCACTGCAACTTCAA (2827734-2827835)

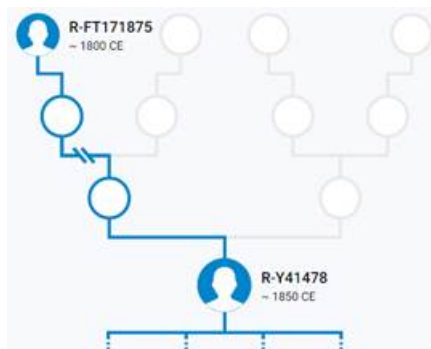
<https://www.yfull.com/snp-to-showseq/95491/571547/> [32]



<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y39349/> [40]

Предок (сопредок) **R-Y41478 (+ женщина)**: у него на Y-хромосоме в позиции 14326593 произошла необратимая однонуклеотидная мутация С > Т. По данным YFull это событие произошло примерно 150 лет назад, то есть относится к документально-реконструированной родословной Нилоговых второй половины XIX века. Поскольку эта мутация отсутствует у параллельной линии Нелоговых из Пензы, общий предок с которыми родился в 1847 году (Пётр Изосимович Нилогов), постольку она точно случилась у одного из наших прямых мужских предков – например, у Григория Петровича Нилогова, который родился в 1881 году. Его старший брат Антон Петрович Нилогов, родившийся около 1876 года, не имел этой мутации, иначе бы она передалась его прямым мужским потомкам, а у них она отрицательная. Не исключено, что SNP R-

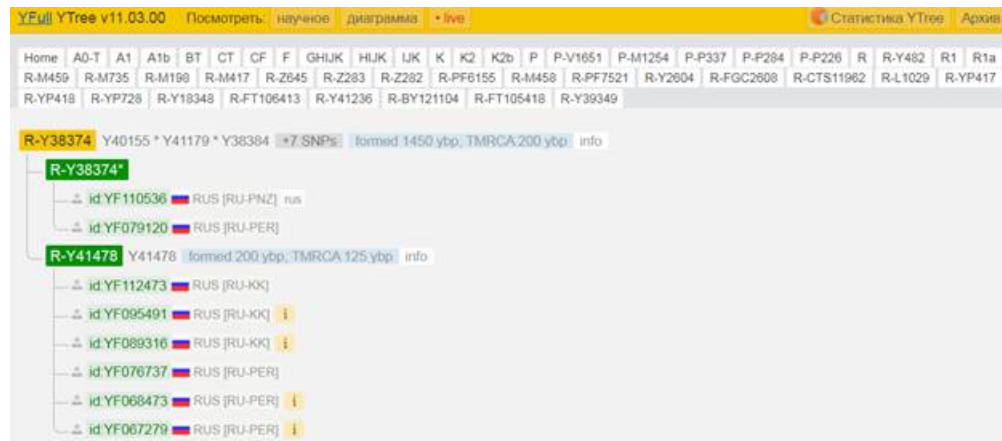
Y41478 могла впервые произойти у самого Петра Зосимовича, который в виде сперматозоида передал её своему позднему сыну Григорию (1881). Однако аналогичное предположение можно отнести и на счёт сына Григория – Фёдора (1909), а также на сына Фёдора – Михаила (1929). R-Y41478 выявлена положительной у сына Михаила – Сергея (1953), а, следовательно, к нему она перешла либо в сперматозоиде отца Михаила (то есть возникла до оплодотворения), либо случилась при оплодотворении у самого Сергея.



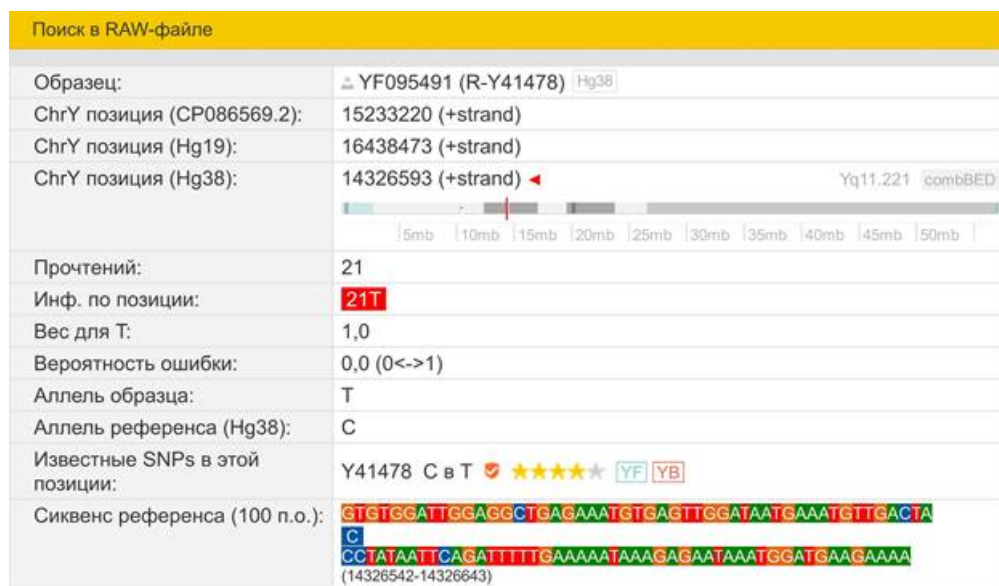
<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/story> [30]



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-Y41478/tree> [30]



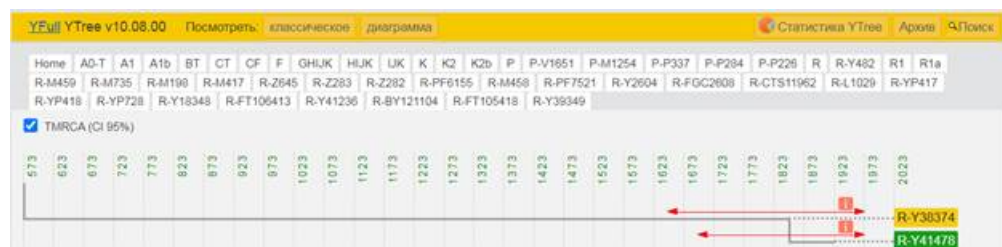
<https://www.yfull.com/tree/R-Y38374/> [40]



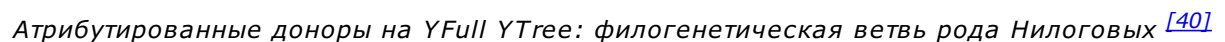
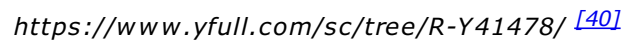
<https://www.yfull.com/seq/38/95491/y/14326593/> [32]



<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y39349/> [40]



<https://www.yfull.com/sc/tree/R-Y38374/> [40]



Таким образом, на примере генетико-генеалогической (генетеалогической) реконструкции патрилинии автора были показаны перспективы комплексного (междисциплинарного) исследования человеческого патрилинейного родства (см. также:

[\[59\]](#), [\[60\]](#)). Проблема номинации наших далёких предков рассмотрена в аспекте лингвофилософской проблемы ономастики как части патронимии – общего дела по воскрешению отцов (Н. Ф. Фёдоров) [\[36\]](#). Лингвогенетологический метод снипования как именования (антропонимии) от Y-хромосомного Адама через все узловые ветви (гаплогруппы/снипы) к документально подтверждённой фактологии классической генеалогии должен стать решением насущной проблемы по реконструкции популяционной и персональной генеалогии людей.

[\[1\]](#) Ср.: А. А. Клёсов: «Снип-мутации – это практически необратимые мутации в ДНК (от английского сокращения SNP, что означает «однонуклеотидные вариации»). Однажды образовавшись, они «застывают» в ДНК навсегда, за крайне редким исключением, когда в том же нуклеотиде, который ранее мутировал, прошла ещё одна мутация – либо в другой нуклеотид, либо возвращение в исходный. В книге «Ваша ДНК-генеалогия» был приведён пример, что один определённый нуклеотид Y-хромосомы у всех современных гоминидов (кроме макаки, которая относится к семейству мартышковых, хотя отряд тот же – приматы), выбранный для той иллюстрации, является тиминем, и только у орангутана там цитозин. Иначе говоря, у большинства этих особей тимин сидит в том месте Y-хромосомы не менее 15–20 миллионов лет, и за это время из пяти «образцов» изменился лишь однажды. Скептик скажет, что он мог измениться в орангутанге за это время и сотню раз, и цитозин – просто последний в той серии изменений, но так не бывает. Уже накоплен большой массив экспериментальных данных, что мутации в ДНК происходят неупорядоченно, статистически, равновероятно по всем последовательностям, за исключением крайне редких случаев, когда отпадают или перестраиваются большие фрагменты ДНК, но здесь явно не тот случай.

Большая серия экспериментальных данных, полученная и перекрёстно проверенная разными коллективами исследователей, привела к средней величине константы скорости мутации в Y-хромосоме $0.82 \cdot 10^{-9}$ на нуклеотид в год (более правильно – на пару нуклеотидных оснований в год). При такой скорости мутации за 5 миллионов лет, то есть до времени жизни общего предка шимпанзе и человека, в Y-хромосоме с её 58 миллионов пар оснований наберёт $0.82 \cdot 10^{-9} \times 10 \cdot 10^6 \times 58 \cdot 10^6 = 476$ тысяч мутаций, что составит всего 0.8 % от 58 миллионов нуклеотидов. Здесь в расчётах положено 10 миллионов лет, потому что 5 миллионов лет прошло от общего предка до современного человека, и столько же – до современного шимпанзе, то есть современники удалены друг от друга суммарно на 10 миллионов лет.

Используя эту константу скорости мутаций можно рассчитывать, сколько времени потребуется для прохождения определённого количества мутаций во фрагменте Y-хромосомы определённого размера. Например, мутация во фрагменте Y-хромосомы размером 8.47 миллионов нуклеотидов происходит в среднем раз в 144 года» [\[12, с. 38–40\]](#). См. также: [\[13\]](#).

[\[2\]](#) Ср.: В. Н. Харьков: «За три последних десятилетия накоплено огромное количество данных, полученных при анализе нерекombинирующей части Y-хромосомы. Первые работы в этой области относятся к середине 1980-х гг. В последующие годы маркеры Y-хромосомы стали использоваться для эволюционных исследований, в судебно-медицинской экспертизе, медицинской генетике и реконструкции родословных. Обнаружение диаллельных ДНК-маркеров на различных участках Y-хромосомы позволило открыть и классифицировать монофилетические гаплогруппы и начать подробное изучение генофонда различных популяций» [\[14, с. 982–983\]](#).

[3] Ср.: В. Н. Харьков: «Кроме характеристики генетического разнообразия, дифференциации и компонентного состава популяционного генофонда, исследование маркеров Y-хромосомы очень важно для филогенетических реконструкций. Использование множества различных полиморфных сайтов позволяет проследить комбинации аллелей, представляющие собой последовательную запись мутаций в ряду поколений. При этом под линией понимают группу гаплотипов, связанных общим происхождением, где каждый вариант отличается от соседнего на один мутационный шаг. Анализ филогении и филогеографии всего Y-хромосомного древа человечества, его отдельных клад и гаплогрупп является сутью этой области исследований.

Частота возникновения SNP на Y-хромосоме примерно в 2 раза выше, чем в среднем по геному, и уступает по скорости мутирования только мтДНК. Поскольку нерекombинирующая часть Y-хромосомы значительно превосходит мтДНК по размеру, а число повторных и обратных мутаций для отдельных позиций намного ниже, то филогения мужских линий может быть гораздо более детально структурирована по сравнению с женскими. Накопление всё большего количества просеквенированных образцов Y-хромосом из различных популяционных выборок для всех гаплогрупп позволяет увеличивать информативность и популяционную специфичность их филогенетической реконструкции от самых древних линий до недавно возникших в локальных популяционных группах» [14, с. 983].

[4] Ср.: А. П. Деревянко: «Около 6–7 млн л.н. предковая линия человека в отряде приматов разделилась на две ветви – высших человекообразных обезьян и австралопитековых. В дальнейшем эволюционное развитие австралопитековых, которые расселялись только в Африке, происходило по сапиентной линии. Среди австралопитековых были группы ставших предковыми для рода *Homo*, первые представители сформировались ок. 2,8 млн л.н. Как показало исследование антропологических находок, в позднем плиоцене – раннем плейстоцене на территории Африки существовали три вида рода *Homo*: *H. rudolfensis*, *H. ergaster/erectus* и *H. habilis*. Около 1,8 (1,7) млн л.н. *H. ergaster/erectus* вышли из Африки и стали расселяться в Евразии. Политипический вид *H. erectus* в ходе длительного и сложного эволюционного развития послужил основой для формирования людей современного типа – *H. s. sapiens* [Деревянко, 2012, 2017, 2019]. <...>

В результате эволюционного развития на предковой основе *H. erectus* в Африке 1,8–0,8 млн л.н. сформировался новый таксон, который получил у антропологов два названия – *H. rhodensis* и *H. heidelbergensis*. Морфологически и генетически популяции этих людей относились к одному биологическому виду, но их дальнейшая эволюционная история была разной. *Homo rhodensis* остались в Африке, на их предковой основе 200–150 тыс. л.н. сформировались люди современного типа (*H. s. africanensis*). *Homo heidelbergensis* с ашельской индустрией ок. 800 тыс. л.н. мигрировали в Евразию (стоянка Гешер-Бенот-Яков в Израиле). С этой миграцией связан первый (начальный) этап становления трёх таксонов – людей современного типа в Африке, неандертальцев и денисовцев в Евразии. Это подтверждается генетическими исследованиями: разделение общего предкового таксона на *H. sapiens*, с одной стороны, и *H. s. neanderthalensis* с *H. s. altaiensis* – с другой, произошло ок. 800 тыс. л.н. [Meyer et al., 2012]. Часть *H. heidelbergensis* с ашельской индустрией 700 (600) тыс. л.н. мигрировала в Европу, где в результате ассимиляционных процессов с поздними эректусами (*H. antecessor*) через промежуточные формы Мауэр, Монморен, Штейнгейм, Араго 21, Сима-де-лос-Уэсос, Петралона и др. 200–150 тыс. л.н. сформировались классические неандертальцы с мустьерской индустрией. <...>

В начале верхнего плейстоцена, 120–60 тыс. л.н., в Африке и Евразии расселялись три таксона – люди современного типа в Африке (*H. s. africanensis*), неандертальцы в Европе (*H. s. neanderthalensis*), денисовцы в Центральной и Северной Азии (*H. s. altaiensis*) [Деревянко 2012; и др.]. Представители этих таксонов скрещивались друг с другом, у них рождалось репродуктивное потомство. Это означает, что скрещивание происходило не между подвидами, а внутри одного вида. Если на финальном этапе эволюции рода *Homo* было три таксона с открытой генетической системой, то и на протяжении всей более чем 2,5-миллионнолетней эволюции у человека существовала открытая генетическая система, которая позволяла представителям таксонов скрещиваться, в результате чего рождалось репродуктивноспособное потомство. Все т.н. виды, которые были выделены антропологами на основе небольшого количества останков со стоянок раннего и среднего палеолита в Африке и Евразии, являлись подвидами с открытой генетической системой. Как показывают генетические исследования, у современных людей (не африканцев) в геноме сохраняется 1–2% генетического наследия неандертальцев. В геноме современных жителей Австралии и Океании имеется до 3–6% генетического наследия денисовцев [Reich et al., 2011]. Следовательно, неандертальцы и денисовцы при стволорольной роли ранних людей современного анатомического типа, сформировавшихся в Африке 200–150 тыс. л.н., в процессе миграции последних в Евразию 80–50 тыс. л.н. внесли свой вклад в генетику и морфологию человека современного типа [Деревянко, 2012, 2019, 2022; Деревянко, Шуньков, Козликин, 2020].

В Восточной и Юго-Восточной Азии процесс сапиентного развития гоминин шёл с первоначального заселения этих территорий *H. erectus* 1,7–1,6 млн л.н.; к настоящему времени здесь обнаружено ок. 10 антропологических окаменелостей, относящихся к 120–60 тыс. л.н., которые антропологи связывают с людьми современного типа. Следует согласиться с мнением китайских исследователей о том, что в этих частях Азии сформировался четвёртый подвид человека современного типа (*H. s. orientalis*), который также принял участие в формировании человека современного типа – *H. s. sapiens* [Деревянко, 2011]. <...>

...у денисовцев и неандертальцев был один предковый таксон – гейдельбергцы. В ходе миграции гейдельбергцев с ашельской индустрией в Европу 700 тыс. л.н. и ассимиляционных процессов с поздними эректусами (*H. antecessor*) при формировании классических неандертальцев (*H. s. neanderthalensis*) у последних сохранялась часть предкового генетического наследия. Доказательством этого являются выделенные у особи древностью ок. 430 тыс. лет из Сима-де-лос-Уэсос мтДНК денисовца и ядерная ДНК неандертальца [Meyer et al., 2014]. У гейдельбергцев, которые мигрировали на восток Азии значительно позже (400–350 тыс. л.н.) и ассимилировали поздних эректусов в Центральной Азии, что привело к формированию денисовцев (*H. s. altaiensis*), также сохранялась часть предкового генетического наследия, о чём свидетельствует мтДНК, выделенная из культуросодержащего слоя 14 с денисовской индустрией. Это означает, что гейдельбергцы, расселившиеся на Ближнем Востоке, в Европе, Центральной Азии и на Алтае, были таксоном в процессе разделения на людей современного типа, неандертальцев и денисовцев и у них оставались открытая генетическая система, способность к скрещиванию, а также у тех и других – часть предкового генетического наследия» [16, с. 9, 11, 12, 13].

[5] Ср.: Р. Докинз: «Важная особенность ДНК заключается в том, что, пока цепь жизни не прервётся, закодированная в ДНК информация будет копироваться в новой молекуле

ещё до разрушения старой. Поэтому информация живёт гораздо дольше молекул. Она возобновляется посредством копирования, а поскольку копирование для большинства "букв" является точным, теоретически она может сохраняться неопределённо долго. Значительная доля информации ДНК наших предков дошла до нас в неизменном виде, пережив в некоторых случаях сотни миллионов лет.

Таким образом, информация в ДНК – невероятно щедрый подарок, который природа преподнесла историкам. Какой историк мог надеяться, что каждая особь каждого вида носит в теле подробный документ! Более того, в этом тексте происходят незначительные случайные изменения, которые достаточно редки, чтобы не нарушить точность документа, но при этом достаточно часты, чтобы создать метки» [\[1, с. 33-34\]](#).

Ср. также: Н. Уэйд: «Как хранилище наследственной информации, пребывающей в постоянном изменении, геном подобен документу, который без конца переписывают. Но геном, изменяясь, сохраняет сведения обо всех «черновиках», которые содержат в себе хронику миллионов лет. Таким образом, геном может многое рассказать нам о разных временных пластах» [\[17, с. 8\]](#).

[\[6\]](#) Ср.: Э. Шрёдингер: «Важным, действительно судьбоносным событием в процессе размножения особи является не оплодотворение, а мейоз. Один набор хромосом достаётся от отца, другой – от матери. Ни случай, ни рок не могут появлять на это» [\[18, с. 45\]](#).

[\[7\]](#) Ср.: В. П. Алексеев: «Весь антропогенез есть процесс накопления информации и уменьшения энтропии... Чем более высокие и развитые по своей организации формы создаёт эволюция, тем уже сфера энтропии и тем шире область информации» [\[19, с. 212\]](#).

Ср. также: Э. Шрёдингер: «Каждый процесс или событие – назовите, как хотите, – всё, что происходит в природе, означает повышение энтропии той части света, где это происходит. Так. Живой организм непрерывно повышает свою энтропию – или, можно сказать, производит положительную энтропию, – тем самым стремясь к опасному состоянию максимальной энтропии, то есть смерти. Чтобы держаться подальше от этого состояния – то есть жить, – организму необходимо постоянно черпать из окружающей среды отрицательную энтропию, которая, как мы сейчас поймём, а действительности является положительной. Организм питается отрицательной энтропией. Или, если выражаться яснее, важная особенность метаболизма заключается в том, что организму удаётся избавиться от всей той энтропии, какую он производит в ходе своей жизнедеятельности. <...> Теперь неуклюжее выражение «отрицательная энтропия» можно перефразировать более удачно: энтропия с отрицательным знаком есть мера порядка. Поэтому способ, которым организм постоянно поддерживает весьма высокий уровень упорядоченности (= весьма низкий уровень энтропии), в действительности заключается в непрерывном потреблении упорядоченности из окружающей среды. Этот вывод не столь парадоксален, сколь кажется на первый взгляд. Скорее его можно упрекнуть в тривиальности. На самом деле, в случае высших животных мы прекрасно знаем, какую упорядоченность они потребляют. Речь идёт о высокоупорядоченном состоянии вещества в относительно сложных органических соединениях, которые служат им пищей. После использования животные возвращают вещество в деградированном виде – однако не в полностью деградированном, поскольку растения могут употреблять его. Естественно, растения получают мощную дозу отрицательной энтропии в виде солнечного света» [\[18, с. 112, 115-116\]](#).

[8] Ср.: Д. Гриббин, М. Гриббин: «Процесс эволюции путём естественного отбора требует, чтобы живые существа воспроизводились, создавая себе подобных, но так, чтобы это копирование не было идеально точным, а порождало некоторое разнообразие в следующем поколении. Если среди этого разнообразия появляются отпрыски, которые по какой-то причине оказались успешнее остальных в деле выживания и воспроизводства, то признаки, обеспечившие их успешность, передаются следующим поколениям – иначе говоря, проходят отбор» [20, с. 71].

[9] Ср.: А. С. Пилипенко: «На самом деле митохондриальная Ева и Y-хромосомный Адам с точки зрения генетики даже не индивиды (люди), а лишь варианты их мтДНК и Y-хромосомы соответственно. Понятно, что носителями этих вариантов могла быть целая популяция того или иного размера» [23, с. 217]. Не согласимся с А. С. Пилипенко, который за пулом генов не видит конкретных индивидов – в частности, носителей SNPs. Несмотря на тот факт, что митохондриальная Ева и Y-хромосомный Адам находятся в постоянном дрейфе из-за накопления базы генетических данных, всякий раз речь идёт о конкретных индивидах, у которых эти мутации произошли, то есть о реальных предках, которых мы смогли реконструировать на основе текущих баз генетических данных, включая палеоДНК.

Ср.: Б. Сайкс: «В нас все перемешано – и в то же время мы все родственны друг другу. От каждого гена можно провести линию в прошлое, к другому общему предку. Это совершенно потрясающее, уникальное наследие, полученное нами от людей, живших раньше нас. Наши гены не возникают из ничего в момент нашего появления на свет – их несли нам, передавая через тысячи поколений, миллионы отдельных людей, конкретных личностей» [5, с. 301].

Ср.: А. А. Клёсов: «В связи с этим возникает вопрос – а когда жил общий предок *Homo sapiens*, общий предок современных людей? Тот, который на самом верху обозначен как Y Root? Можно ли это время рассчитать? Ответ – можно, но с определённой степенью допущений. Первое и самое главное допущение – что общий предок сегодняшних людей на Земле на самом деле существовал. Естественно, речь не идёт о том, что на Земле когда-то жил один мужчина, и с ним рядом была одна женщина. Такого никогда не было. Во все времена было множество мужчин и множество женщин, а до них было множество самцов и самок, предшественников тех самых мужчин и женщин, и переход одних в других занял миллионы лет, и никто не может дать чётких определений, в чём выражался этот переход, это всё вопросы определений, которых, в общем-то, нет. Да, наверное, никого это отсутствие чётких определений особенно и не беспокоит.

Чисто концептуально, «общий предок» всех людей на сегодняшней планете – это тот, потомство которого выжило, в отличие от множества его современников, и продолжилось в потомках до настоящего времени. Помимо этого – это был тот человек, у которого было как минимум два сына, потомство которых выжило до настоящего времени. Как следствие первых двух условий, все потомки унаследовали снп-мутации своего первопредка», и добавили снп-мутации в последующем. Поэтому есть ещё одно условие, точнее, следствие – мутации в гаплотипах потомково при экстраполяции в прошлое сходятся к «первопредку». Таким образом, можно определить его гаплотип, назависимо от того, как давно он жил» [12, с. 46-47].

Ср. также: «As with "Mitochondrial Eve", the title of "Y-chromosomal Adam" is not permanently fixed to a single individual, but can advance over the course of human history

as paternal lineages become extinct. <...> Due to the definition via the "currently living" population, the identity of a MRCA, and by extension of the human Y-MRCA, is time-dependent (it depends on the moment in time intended by the term "currently"). The MRCA of a population may move forward in time as archaic lineages within the population go extinct: once a lineage has died out, it is irretrievably lost. This mechanism can thus only shift the title of Y-MRCA forward in time. Such an event could be due to the total extinction of several basal haplogroups. The same holds for the concepts of matrilineal and patrilineal MRCAs: it follows from the definition of Y-MRCA that he had at least two sons who both have unbroken lineages that have survived to the present day. If the lineages of all but one of those sons die out, then the title of Y-MRCA shifts forward from the remaining son through his patrilineal descendants, until the first descendant is reached who had at least two sons who both have living, patrilineal descendants. The title of Y-MRCA is not permanently fixed to a single individual, and the Y-MRCA for any given population would himself have been part of a population which had its own, more remote, Y-MRCA. <...> By the nature of the concept of most recent common ancestors, these estimates can only represent a *terminus ante quem* ("limit before which"), until the genome of the entire population has been examined (in this case, the genome of all living humans)» [\[21\]](#).

[\[10\]](#) Ср.: Р. Докинз: «Здесь я чувствую себя настолько неуверенно, что больше не буду пытаться оценивать число «пра-» перед «прародитель». Очень скоро счёт «пра-» пойдёт на миллиарды. Немного надёжнее поряжок ветвления линий, но и он может оказаться ошибочным» [\[1, с. 520\]](#).

[\[11\]](#) Ср.: «Исследование генома X-хромосомы в 2008 году привело к выводу, что азиатские популяции *Homo erectus* вполне могли скрещиваться с *Homo sapiens* и быть предками современных людей по смешанным линиям (не прямой мужской и не прямой женской)» [\[24\]](#).

[\[12\]](#) Ср.: А. А. Клёсов: «...общий предок современных гаплотипов обычно не тот, что был в «самом начале», а тот, прямые потомки которого выжили до настоящего времени. Потому и важно рассматривать данные ДНК-генеалогии в совокупности с данными археологии и лингвистики, причём именно данными, а не интерпретациями» [\[25, с. 30\]](#).

[\[13\]](#) Ср.: «Сравнение Y-хромосом двух денисовцев (Denisova4 (55–84 тыс. л. н.) и Denisova8 (106–136 тыс. л. н.)) с Y-хромосомами трёх неандертальцев и с Y-хромосомами современных неафриканских людей показало, что Y-хромосомная линия денисовцев отделилась от Y-хромосомной линии современного человека около 700 тыс. л. н., Y-хромосомная линия неандертальцев отделилась от Y-хромосомной линии современного человека около 350 тыс. л. н. Для времени жизни общего предка носителей Y-хромосомной гаплогруппы A00 и носителей неафриканских Y-хромосомных гаплогрупп получили дату 249 тыс. лет назад» [\[28\]](#). См.: [\[29\]](#).

[\[14\]](#) Ср.: «По данным сравнения Y-хромосомы неандертальца из пещеры Эль-Сидрон и африканца с Y-хромосомной гаплогруппой A00 время разделения линий неандертальцев и современных людей оценили по Y-хромосоме в 588 тыс. лет назад (95% доверительный интервал: 806–447 тыс. лет назад), а время появления Y-хромосомного Адама – в 275 тыс. лет назад (95% доверительный интервал: 304–245 тыс. лет назад)» [\[28\]](#) См.: [\[33\]](#), [\[34\]](#).

[\[15\]](#) Не исключено, что оба нуклеотида могут замениться по сравнению с предком – например, у денисовца и у неандертальца по сравнению с шимпанзе. Статистическая

вероятность здесь – 1:62000000 (геном Y-хромосомы).

[16] Ср.: А. А. Клёсов: «За предковые (исходные) нуклеотиды принимали те, которые идентифицировали в Y-хромосомах мужчин планеты как неизменные (предковые), и подтверждённые по Y-хромосоме шимпанзе» [12, с. 46].

[17] См.: [36].

[18] Ср.: В. Н. Харьков: «Современная номенклатура Y-хромосомных линий представляет собой многоуровневую буквенно-цифровую систему обозначений, кластеризующихся в соответствии с пошаговой мутационной моделью. Иерархическое местоположение конкретной линии определяется сцеплением мутантного и исходного вариантов ДНК-маркера с лежащими выше и ниже SNP. Для обозначения субклад используются две системы: либо на основе буквенно-цифровой номенклатуры (например, E1b1, N1a1a1a1a2, R1a1a1b2a2, R1a1a1b2a2a3c, T1a2b и др.), либо по номеру терминальной мутации, определяющей данную гаплогруппу (например, Q-BZ99 или N-B172)» [14, с. 983].

[19] Ср.: В. Н. Харьков: «В момент возникновения гаплогруппы она представлена только у одного индивида, поскольку определяющая её мутация происходит на конкретной хромосоме, а затем частота гаплогруппы начинает стохастически меняться. Новая возникшая сублиния с большой вероятностью может исчезнуть из популяции, если мужской род, ведущий своё начало от родоначальника этой мутации, прервётся в каком-либо поколении. Большинство таких новых линий элиминируются стохастическим процессом генетического дрейфа. Но некоторые из гаплогрупп остаются в популяции и увеличивают свою частоту. На фоне стохастического роста численности гаплогруппы в ней с течением времени начинает накапливаться изменчивость по другим SNP и микросателлитным локусам. Изначально гаплогруппа представлена одним определённым гаплотипом-основателем, характеризующимся определённым значением аллелей в различных STR-локусах. Затем, с течением времени, у потомков появляются и другие аллели за счёт мутаций и возникают кластеры эволюционно родственных гаплотипов» [14, с. 984]. См. также: [37].

[20] Ср.: «The Y chromosome is passed from father to son remaining mostly unaltered across generations, except for small traceable changes in DNA. By tracking these changes, we constructed a family tree of humankind where all male lineages trace back to a single common ancestor who lived hundreds of thousands of years ago. This human tree allows us to explore lineages through time and place and to uncover the modern history of your direct paternal surname line and the ancient history of our shared ancestors» [30].

[21] Ср.: В. Н. Харьков: «Не менее значимым для классификации гаплогрупп является ресурс YFull.com, который был основан в 2013 г. и является сервисом по биоинформатическому анализу исходных данных секвенирования. Древо гаплогрупп на этом сайте является сейчас наиболее подробным и включает максимальное количество SNP, с привязкой к конкретным образцам. Обозначение линий при этом отличается от буквенно-цифровой кодировки и содержит только привязку к конкретным маркерам, начиная от самых базовых до терминальных для конкретного образца [10]» [14, с. 983].

[22] Ср.: «Subclade "formed" age: The TMRCA of a subclade is used as the "formed" age of each branch of the subclade. In other words, the formed age of a branch is the same as the TMRCA of the "parent" subclade of the branch» [46].

[23] Ср.: А. А. Клёсов: «ДНК-генеалогия выстраивает чёткую генеалогическую линию предков и потомков, как людей, принадлежащих к определённому роду. Поскольку гаплогруппа – это совокупность родственных субкладов, происходящих по цепочке от ещё более древних общих предков, а субклад – это совокупность носителей одних и тех же сний, то ясно, что все их носители, то есть в данном случае мужчины, произошли от одного общего предка, патриарха, в ДНК которого этот сний впервые образовался. Фактически это есть общепринятое определение рода, что есть совокупность всех поколений людей, происходящих от одного предка.

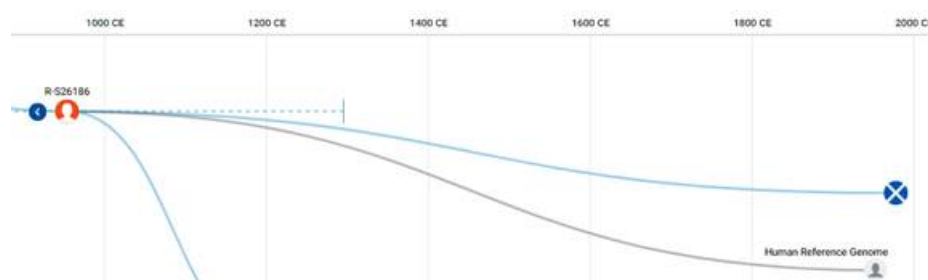
Можно сказать и по-другому: гаплогруппа – совокупность гаплотипов, объединённая «групповой» необратимой мутацией, присущей определённому человеческому роду, то есть потомкам одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Понятие «гаплогруппа» эквивалентно понятию «род» в ДНК-генеалогии. Эти мутации («снии») выбирают по определённым критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала шесть тысяч лет назад на восток», понимая, естественно, что мигрировали носители данной гаплогруппы. В настоящее время классификация включает 20 основных гаплогрупп (плюс A0 и A00), от A до T в алфавитном порядке, и тысячи «нисходящих» гаплогрупп и субкладов.

Гаплогруппы не просто соответствуют своим родам, но образуют определённую последовательность, лестницу гаплогрупп, показывающих их иерархию – последовательный, ступенчатый переход от точки расхождения африканских и неафриканских популяций (примерно 160 тыс. лет назад) до самой недавней гаплогруппы R, образовавшейся примерно 30 тыс. лет назад. Эта лестница называется филогенетическим деревом гаплогрупп и их сний. Все гаплогруппы и субклады на дереве должны включать снии «вышестоящих» гаплогрупп и субкладов. То есть принцип «лесенки» должен выполняться. Преемственность узловых родов человечества должна соблюдаться» [12, с. 30–31].

[24] См.: [46]. См. также: [47].

[25] Ср.: «Ancestral Path. Every living man in the world shares a direct paternal line ancestor who lived around 230,000 years ago, and before that, our closest relatives are the Neanderthals and Denisovans. Each step represents a genetic ancestor on your direct paternal line. As more people test, this path will be further refined, and we will identify more steps on your ancestral line» [30].

[26] Референс Hg38 основан на представителе гаплогруппы R1b (R-S26186), поэтому все восходящие мутации, начиная с R1, сравниваются с шимпанзе (in the latest version of the human reference genome, GRCh38 released in 2017, the anonymous RP11 man accounts for most if not all of the Y-chromosome reference sequence [30]).



<https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-S26186/tree> [30]

[27] См. также: [50],[51],[52],[53],[54],[55],[56],[57].

Библиография

1. Докинз Р. Рассказ предка. Паломничество к источкам жизни / Пер. с англ. С. Долотовской. М., 2021. 768 с.
2. Докинз Р. Перерастая Бога. Пособие для начинающих / Пер. с англ. А. Гопко. М., 2022. 256 с.
3. Докинз Р. Река, выходящая из Эдема. Жизнь с точки зрения дарвиниста / Пер. с англ. А. Гопко. М., 2020. 224 с.
4. Сайкс Б. Адамово проклятие. Мужчинам грозит медленное и неизбежное вымирание / Пер. с англ. Е. Я. Мигуновой. М., 2009.
5. Сайкс Б. Расшифрованный код Ледового человека: От кого мы произошли, или Семь дочерей Евы / Пер. с англ. Е. Я. Мигуновой. М., 2005. 304 с.
6. Винарский М. В. Евангелие от LUCA. В поисках родословной животного мира. М., 2021. 352 с.
7. Пэбо С. Неандерталец. В поисках исчезнувших геномов / Пер. с англ. Е. Наймарк. М., 2018. 416 с.
8. Шубин Н. Внутренняя рыба. История человеческого тела с древнейших времён до наших дней / Пер. с англ. П. Петрова. М., 2021. 304 с.
9. Кукушкин Н. В. Хлопок одной ладонью. Как неживая природа породила человеческий разум. М., 2021. 542 с.
10. Ястребов С. А. От атомов к древу. Введение в современную науку о жизни. М., 2018. 704 с.
11. Дарвин Ч. Р. Происхождение видов путём естественного отбора, или Сохранение благоприятных рас в борьбе за жизнь / Пер. с англ. К. А. Тимирязева, М. А. Мензбира, А. П. Павлова, И. А. Петровского. М., 2020. 592 с.
12. Клёсов А. А. ДНК-генеалогия от А до Т. М., 2016. 480 с.
13. What is YFull's age estimation methodology? / YFull: FAQ. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.yfull.com/faq/what-yfulls-age-estimation-methodology/> (Дата обращ. 01.07.2023).
14. Харьков В. Н. Маркеры Y-хромосомы в популяционной генетике: фундаментальные и прикладные результаты этногеномных исследований // Генетика. 2021. Т. 57. № 9. С. 981–994. URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=46350988> (Дата обращ. 01.07.2023).
15. Homo sapiens isolate NA24385 chromosome Y / GenBank. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/CP086569.2> (Дата обращ. 01.07.2023).
16. Деревянко А. П. Исследование палеолита Сибири // Археология, этнография и антропология Евразии. 2023. Т. 51. № 1. С. 3–17.
17. Уэйд Н. На заре человечества. Неизвестная история наших предков / Пер. с англ. Н. Мезин. М., 2022. 408 с.
18. Шрёдингер Э. Что такое жизнь? / Пер. с англ. К. С. Егоровой. М., 2019. 288 с.
19. Пряхин В. Ф. Бессмертие – мировоззрение XXI века. М., 2018. 268 с.
20. Гриббин Д., Гриббин М. Происхождение эволюции: идея естественного отбора до и после Дарвина. М., 2022.
21. Y-chromosomal Adam / Wikipedia. [Эл. ресурс]. URL: https://en.wikipedia.org/wiki/Y-chromosomal_Adam (Дата обращ. 01.07.2023).
22. Ближайший общий предок / Википедия. [Эл. ресурс]. URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Ближайший_общий_предок (Дата обращ. 01.07.2023).
23. Естественнонаучные предметы. Практическая молекулярная генетика для начинающих: 8–9 классы / Уч. пос. под ред. П. М. Бородина и Е. Н. Ворониной. 2-е изд., стер. М., 2022. 272 с.

24. Человек прямоходящий / Википедия. [Эл. ресурс]. URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Человек_прямоходящий (Дата обращ. 01.07.2023).
25. Клёсов А. А. Народы России. ДНК-генеалогия. СПб., 2021. 784 с.
26. GeneticHomeland.com / Brad Larkin. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.genetichomeland.com>, <https://www.genetichomeland.com/welcome/dnapedigree.asp> (Дата обращ. 01.07.2023).
27. International Society of Genetic Genealogy (ISOGG). [Эл. ресурс]. URL: <https://isogg.org/tree/>, https://isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html (Дата обращ. 01.07.2023).
28. Y-хромосомный Адам / Википедия. [Эл. ресурс]. URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Y-хромосомный_Адам (Дата обращ. 01.07.2023).
29. Petr M., Hajdinjak M., Fu Q., Essel E., Rougier H., Crevecoeur I., Semal P., Golovanova L. V., Doronichev V. B., Lalueza-Fox C., de la Rasilla M., Rosas A., Shunkov M. V., Kozlikin M. B., Derevianko A. P., Vernot B., Meyer M., Kelso J.. The evolutionary history of Neandertal and Denisovan Y chromosomes // *Science* 369 (6511). 25 Sep 2020. P. 1653–1656. URL: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb6460> (Дата обращ. 01.07.2023).
30. DiscoverTM More (Beta) [Эл. ресурс]. URL: <https://discover.familytreedna.com/>, <https://discover.familytreedna.com/y-dna/R-S26186/notable> (Дата обращ. 01.07.2023).
31. Skov L., Peyrégne S., Popli D., Iasi L. N. M., Devière T., Slon V., Zavala E. I., Hajdinjak M., Sümer A. P., Grote S., Mesa A. B., Herráez D. L., Nickel B., Nagel S., Richter J., Essel E., Gansauge M., Schmidt A., Korlević P., Comeskey D., Derevianko A. P., Kharevich A., Markin S. V., Talamo S., Douka K., Krajcarz M. T., Roberts R. G., Higham T., Viola B., Krivoschapkin A. I., Kolobova K. A., Kelso J., Meyer M., Pääbo S., Peter B. M. Genetic insights into the social organization of Neanderthals // *Nature*. V. 610. 20 October 2022. P. 519–525. URL: <https://www.nature.com/articles/s41586-022-05283-y> (Дата обращ. 01.07.2023).
32. YFull.com. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.yfull.com/> (Дата обращ. 01.07.2023).
33. Mendez F. L., Poznik G. D., Castellano S., Bustamante C. D. The Divergence of Neandertal and Modern Human Y Chromosomes // *The American Journal of Human Genetics*. 07 April 2016. V. 98. I. 4. P. 728–734. URL: [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(16\)30033-7](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(16)30033-7) (Дата обращ. 01.07.2023).
34. Lowery R. K., Uribe G., Jimenez E. B., Weiss M. A., Herrera K. J., Regueiro M., Herrera R. J. Neanderthal and Denisova genetic affinities with contemporary humans: Introgression versus common ancestral polymorphisms // *Gene*. 1 November 2013. V. 530. I. 1. P. 83–94. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378111913007567?via%3DiHub> (Дата обращ. 01.07.2023).
35. Боринская С. А. Смешение неандертальцев, денисовцев и сапиенсов: спор разгорается с новой силой. [Эл. ресурс]. URL: <http://antropogenez.ru/interview/709/> (Дата обращ. 01.07.2023).
36. Нилогов А. С. Снятие как именование (антиязыковая методология в помощь ДНК-генеалогии) // *Litera*. 2016. № 1. С. 18–25. [Эл. ресурс]. URL: http://e-notabene.ru/fil/article_17670.html (Дата обращ. 01.07.2023).
37. Харьков В. Н., Зарубин А. А., Вагайцева К. В., Раджабов М. О., Новикова Л. М., Валихова Л. В., Хитринская И. Ю., Степанов В. А. Y-хромосома как инструмент для ДНК-идентификации и определения популяционной принадлежности // *Генетика*. 2020. Т. 56. № 9. С. 1065–1074. URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=43181768> (Дата обращ. 01.07.2023).
38. Family Tree DNA. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.familytreedna.com> (Дата обращ. 01.07.2023).
39. Nebula Genomics. [Эл. ресурс]. URL: <https://nebula.org/whole-genome-sequencing->

dna-test (Дата обращ. 01.07.2023).

40. YFull YTree. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.yfull.com/tree>,

<https://www.yfull.com/check-snp> (Дата обращ. 01.07.2023).

41. ISOGG YBrowse / Human Y Chromosome Browser (based on hg38). [Эл. ресурс]. URL: <http://ybrowse.org>, https://ybrowse.org/gb2/gbrowse_details/chrY?ref=chrY;start=7684315;end=7684315;name=Z93;class=Sequence;feature_id=50189;db_id=chrY%3Adatabase (Дата обращ. 01.07.2023).

42. Mendez F. L., Krahn T., Schrack B., Krahn A.-M., Veeramah K. R., Woerner A. E., Fomine F. L. M., Bradman N., Thomas M. G., Karafet T. M., Hammer M. F. An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree // The American Journal of Human Genetics. 07 March 2013. V. 92. I. 3. P. 454–459.

URL: [https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297\(13\)00073-6](https://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297(13)00073-6) (Дата обращ. 01.07.2023).

43. YTree Dnachron. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.dnachron.com/ytrees> (Дата обращ. 01.07.2023).

44. YTree Mofang. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.23mofang.com/ancestry/ytrees/root> (Дата обращ. 01.07.2023).

45. Y-Haplotree FTDNA. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/A> (Дата обращ. 01.07.2023).

46. What is YFull's subclade age methodology? / YFull: FAQ. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.yfull.com/faq/how-does-yfull-determine-former-age-tmrca-and-ci/> (Дата обращ. 01.07.2023).

47. Adamov D., Guryanov V., Karzhavin S., Tagankin V., Urasin V. Defining a New Rate Constant for Y-Chromosome SNPs based on Full Sequencing Data // The Russian Journal of Genetic Genealogy. 2015. T. 7. № 1. С. 68–89. URL:

https://www.researchgate.net/publication/273773255_Defining_a_New_Rate_Constant_for_Y-Chromosome_SNPs_based_on_Full-Sequencing_Data (Дата обращ. 01.07.2023).

48. Нилогов А. С. Генетико-генеалогическое (генетеалогическое) исследование рода Ниловых (на материале ДНК аутосом и Y-хромосомы) // Учёные записки Минусинского краеведческого музея им. Н. М. Мартянова. Вып. № 3. Минусинск, 2021. С. 161–212.

URL: <https://музей-мартянова.рф/wp-content/uploads/2022/06/Учёные-записки-2.pdf> (Дата обращ. 01.07.2023).

49. Нилогов А. С. Генетико-генеалогическое (генетеалогическое) исследование рода Ниловых (на материале ДНК аутосом) // Genesis: исторические исследования. 2023. № 2. С. 113–131. [Эл. ресурс]. URL: http://e-notabene.ru/hr/article_37301.html (Дата обращ. 01.07.2023).

50. Мартынов М. Е., Нилогов А. С. Косинско-Камское поречье в переписях и ревизиях XVI – XIX вв. Кудымкар, 2012. 252 с.

51. Нилогов А. С. Откуда есть пошли Ниловы // Генеалогический вестник. 2012. № 44. С. 27–55.

52. Нилогов А. С. ДНК-генеалогия на службе у генеалогии // The Russian Journal of Genetic Genealogy (русская версия). 2015. T. 7. № 2. С. 51–66.

53. Нилогов А. С. ДНК-генеалогия на службе у генеалогии // Ада чир-суу = Отечество: краеведческий альманах. Сост. М. А. Аева. Вып. 3. Абакан, 2015. С. 78–92. URL: https://nbdrx.ru/pdf/almanac/Ada_Chir-Suu_V-003-2015.pdf (Дата обращ. 01.07.2023).

54. Нилогов А. С. Генетика как дополнительный инструмент генеалогии // Генеалогический вестник. 2017. № 54. С. 85–91. URL:

https://geno.ru/media/files/генеалогический_вестник/гв-54.pdf,

[https://geno.ru/media/files/генеалогический_вестник/гв-](https://geno.ru/media/files/генеалогический_вестник/гв-54_статистический_материал_к_статье_а.с._нилогова.pdf)

[54_статистический_материал_к_статье_а.с._нилогова.pdf](https://geno.ru/media/files/генеалогический_вестник/гв-54_статистический_материал_к_статье_а.с._нилогова.pdf) (Дата обращ. 01.07.2023).

55. Нилогов А. С. Семь колен восходящей родословной Алексея Сергеевича Нилогова.

Германия: Саарбрюккен, 2017. 388 с. URL: <https://yadi.sk/d/xXh9q9fN3Qzczh> (Дата обращ. 01.07.2023).

56. Нилогов А. С. До седьмого колена... Германия: Саарбрюккен, 2019. 356 с. URL: <https://yadi.sk/i/rDcUisWcoVQwjw> (Дата обращ. 01.07.2023).

57. Нилогов А. С. До восьмого колена... Германия: Саарбрюккен, 2020. 438 с. URL: <https://yadi.sk/d/bB8Pppu8XbdFPw> (Дата обращ. 01.07.2023).

58. Big Y Block Tree / FTDNA. [Эл. ресурс]. URL: <https://www.familytreedna.com/my/bigy-blocktree> (Дата обращ. 01.07.2023).

59. Нилогов А.С. Секвенирован первый полный геном жителя Хакасии / Абакан. № 34. 01-07 сентября 2021. С. 19. URL: <https://nbdrx.ru/pdf/Abakan/2021/gab2021034.pdf> (Дата обращ. 01.07.2023).

60. Известный учёный из Хакасии расшифровал свой геном в американской лаборатории / Новая Хакасия. 20.12.2021. [Эл. ресурс]. URL: <https://newkhakasiya.online/news/2021-12-20/izvestnyy-uchenyy-iz-hakasii-rasshifroval-svoy-genom-v-amerikanskoy-laboratorii-1083322> (Дата обращ. 01.07.2023)

Результаты процедуры рецензирования статьи

В связи с политикой двойного слепого рецензирования личность рецензента не раскрывается.

Со списком рецензентов издательства можно ознакомиться [здесь](#).

Отзыв

На статью «Y-хромосомные предки: к проблеме генетико-генеалогической номинации». Предмет обозначен в названии и разъяснен в тексте статьи. В статье автор ставит цель изучить родословную Ниловых и степень родства его представителей (мужской и женской линии).

Методология исследования. Данная работа базируется на комплексной генетико-генеалогической методологии.

Актуальность исследования. В последние десятилетия возрос и отмечает автор рецензируемой статьи «новый уровень ДНК-генеалогической (генетико-генеалогической, генетеалогической) верификации поставил под методологический вопрос классическое документально-архивное родословие, так как под родословной понимается прежде всего биологическое (генетическое, филогенетическое) родство» и написать данную статью автора подвигла книга британского дарвиниста Р.Докинза «Рассказ предка».

Новизна статьи заключается в постановке проблемы и задач исследования. Новизна заключается также в том, что в статье делается попытка изучить влияние Y-хромосомы в генетико-генеалогической номинации. Научная новизна также заключается в том, что автор привлекает и архивные материалы по генеалогии рода Ниловых. Научная новизна определяется также привлечением архивных материалов.

Автор в своем исследовании использует «несколько генетических баз данных (Y-DNA database), среди которых наиболее авторитетными являются: YFull YTree, Discover Family Tree DNA, YSNP YTree от ISOGG» и др. Стиль статьи научный и для того, ясный и четкий. Автор в начале статьи дает разъяснение применяемых в статье терминов, что облегчает восприятие статьи гуманитариями и другими категориями читателей, кто может плохо разбираться в биологических терминах. В самом начале статьи автор представил цитаты из работ Р. Докинза (4 цитаты), Б. Сайкса (5 цитат), Н. Шубина (3 цитаты), по две цитаты Н.В. Кукушкина и С.А. Ястребова, по одной цитате С. Пэбо, Ч. Дарвина. Приведение данных цитат в статье помогает понять цели и задачи автора, а также содержание статьи в целом. После приведения данных цитат идет текст самой статьи.

Текст логически выстроен, снабжен рисунками, графиками из других статей и электронных ресурсов.

Выводы автора логично вытекают из проведенной работы и автор констатирует, что «на примере генетико-генеалогической (генетеалогической) реконструкции патрилинии автора были показаны перспективы комплексного (междисциплинарного) исследования человеческого патрилинейного родства (см. также:). Проблема номинации наших далёких предков рассмотрена в аспекте лингвофилософской проблемы ономафикации как части патрофикации – общего дела по воскрешению отцов (Н. Ф. Фёдоров). Лингвогенетеалогический метод снипования как именования (антропонимификации) от Y-хромосомного Адама через все узловые ветви (гаплогруппы/снипы) к документально подтверждённой фактологии классической генеалогии должен стать решением насущной проблемы по реконструкции популяционной и персональной генеалогии людей». И в подтверждении своих выводов автор приводит ссылки на данные таких исследователей как А. А. Клёсов, В. Н. Харьков, А. П. Деревянко, Р. Докинз, Н. Уэйд, Э. Шрёдингер, Д. Гриббин, М. Гриббин, А. С. Пилипенко, Б. Сайкс и др.

Библиография статьи насчитывает 60 работ, в том числе и 11 работ автора статьи и одну статью о его работах. Библиография обширная, разноплановая и свидетельствует, как и статья в целом о том, что автор статьи глубоко интересуется темой, статья его несомненно оригинальная и интересная, вместе с тем, следует отметить, что она может вызвать дискуссию среди специалистов по теме в целом и отдельным положениям автора статьи.

Апелляция к оппонентам представлена на уровне собранной информации, полученной автором в ходе работы над темой статьи, другим работам автора, представленным в библиографии и в библиографии в целом.

Статья интересная, актуальная и, по мнению рецензента, она может вызвать дискуссию среди специалистов и неспециалистов, т.к. несмотря на то, что автор статьи постарался раскрыть терминологию статьи и статья написана ясным языком, но может вызвать сложности для восприятия. Статья может быть опубликована в журнале, она заслуживает внимания и вызовет интерес.