

Как читать дерево FamilyTreeDNA

Справочник: что такое узел, что означает пунктирная линия под ним, как переводить даты в «лет назад» и что реально стоит за цифрами в разделе Discover.

Все иллюстрации — фрагменты одного и того же дерева, ветка **J-ZS4880**, снимок 2026 г. Даты в Discover пересчитываются при каждом обновлении дерева, так что конкретные числа со скринов со временем разойдутся с сайтом.

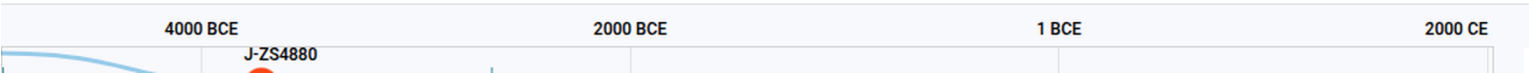
1. Какие вообще бывают «деревья» в FTDNA

Что	Где	Что показывает
Y-DNA Haplotree	публичный раздел сайта	классическая иерархия SNP, без шкалы времени
Discover Time Tree	Discover → Time Tree	то же дерево, но по горизонтали отложено время
Group Time Tree	Discover / проект	дерево в разрезе группового проекта, с подгруппами
Match Time Tree	личный кабинет	только вы и ваши Big Y-совпаденцы

Time Tree доступен бесплатно и без аккаунта — достаточно ввести имя гаплогруппы. Match Time Tree — только после Big Y.

Главная мысль: **Time Tree** — это обычная нисходящая родословная роспись, только без **имён**. Вместо имён предков — имена мутаций, которые они оставили потомкам.

2. Ось времени: BCE / CE и «сколько лет назад»



Шкала времени в верхней части дерева

FTDNA подписывает шкалу в **BCE / CE**:

- **BCE** — Before Common Era — **до нашей эры (до н. э.)**. Полный эквивалент привычного BC.
- **CE** — Common Era — **нашей эры (н. э.)**. Полный эквивалент AD.

Разница только в названии: система светская, без отсылки к «от Рождества Христова». Числа те же. Нулевого года нет: сразу после **1 BCE** идёт **1 CE**.

Перевод в «лет назад»

В ДНК-генеалогии обычно думают не в календарных годах, а в «сколько лет назад». Пересчёт простой:

- **до н. э.:** **лет назад $\approx$ год + 2026** → **4000 BCE $\approx$ 6000 лет назад**
- **н. э.:** **лет назад $\approx$ 2026 – год** → **1500 CE $\approx$ 500 лет назад**

В поколениях (условно 30 лет на поколение):

- 6000 лет $\approx$ **200 поколений**
- 3000 лет $\approx$ **100 поколений**
- 500 лет $\approx$ **17 поколений**

Осторожно с ybp

Возраст часто пишут в **ybp** (years before present) — «лет назад». Вопрос в том, от какого года считать.

У FTDNA «present» — это текущий год. В отчёте Scientific Details обе колонки стоят рядом, и это проверяется вычитанием: для J-ZS4880 среднее равно 5703 ybp и 3677 г. до н. э., разница ровно 2026. То же и для всех границ интервалов.

В радиоуглеродной практике «present» — это 1950 год. Так что «5703 ybp» у FTDNA и «5703 BP» в археологической статье — это разные даты, расходящиеся на 76 лет. Для возраста в шесть тысяч лет это шум; для генеалогической ветки возрастом 300 лет — уже нет.

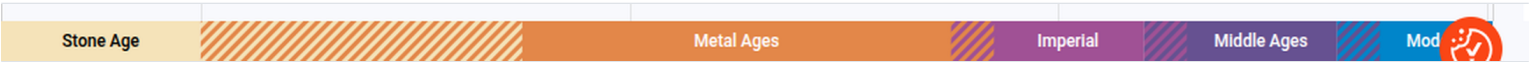
Даты прямо со скрина

Сняты с оси; точные значения смотрите по наведению курсора на узел или в Scientific Details.

Узел	По оси	Лет назад	≈ поколений
J-ZS4880 (корень)	3677 до н. э.	5703	~190
J-FTG59999	~2200 до н. э.	~4200	~140
J-FTN60522	~1000 до н. э.	~3000	~100
J-FT423523	~1150 до н. э.	~3200	~105
J-FTN60549	~1500 н. э.	~500	~17
J-FTN60348	~1800 н. э.	~200	~7

Первая строка взята из отчёта Scientific Details, остальные сняты с оси на глаз. Разница показательна: по картинке корень читается как «примерно 3500 до н. э.», в отчёте — 3677. Погрешность снятия с оси — порядка 150–200 лет, и для публикации числа надо брать из отчёта, а не с линейки.

Полоса эпох внизу

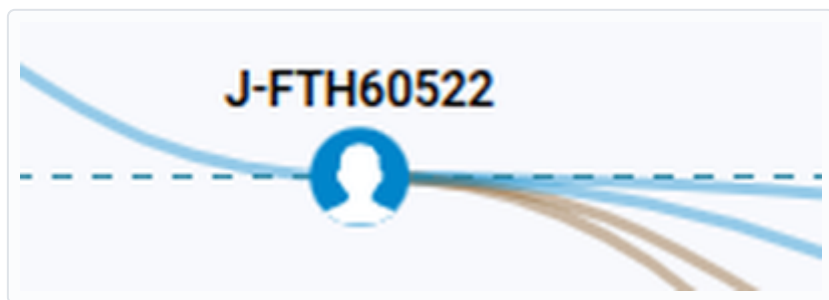


Полоса исторических эпох в нижней части дерева

- **Stone Age** — каменный век
- **Metal Ages** — эпоха металлов (бронза и железо)
- **Imperial** — античность, эпоха империй
- **Middle Ages** — Средневековье
- **Modern** — Новое и Новейшее время

Это грубая европоцентричная разметка «чтобы не считать в уме». Для Кавказа границы периодов другие, так что выводов из неё делать не стоит.

3. Узел



Узел J-FTN60522 — кружок с именем SNP

Что это физически

Узел — это **один конкретный мужчина**. Не «народ», не «племя», не «тухум». Тот самый MRCA (most recent common ancestor) — последний общий предок всех, кто висит ниже него на дереве.

Имя вида `J-FTN60522` читается так:

- `J` — гаплогруппа верхнего уровня;
- `FTN60522` — имя SNP-мутации, по которой ветка определяется.

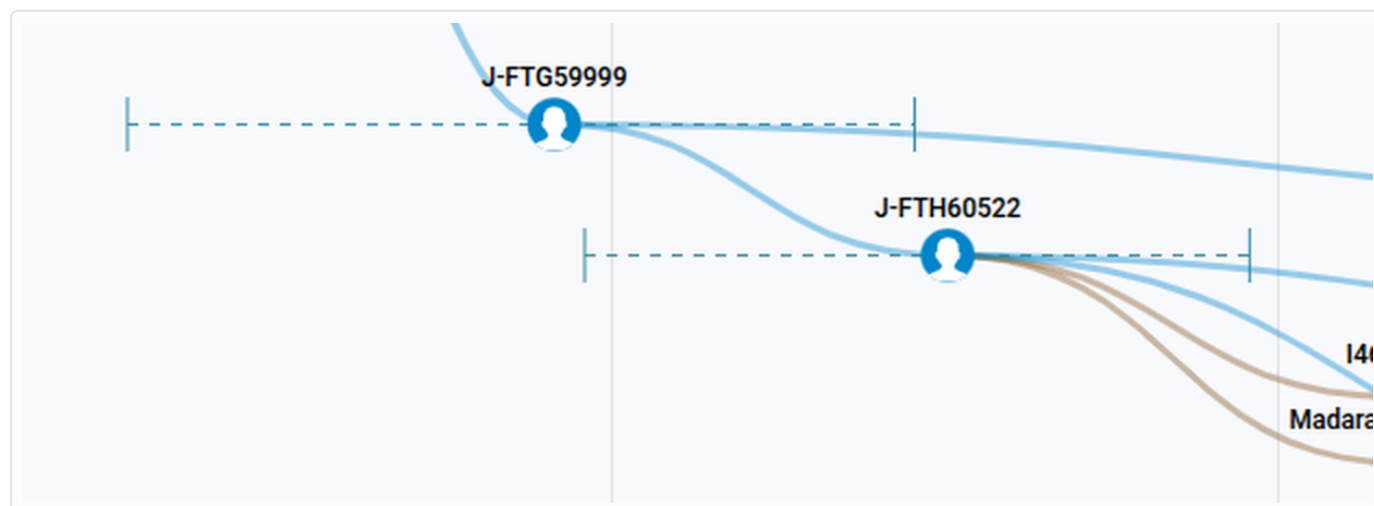
Почему имена такие разные

Префикс SNP говорит только о том, **кто первым его описал**, и ничего — о возрасте или значимости ветки:

- `M`, `P` — Стэнфорд и Аризона (1990–2000-е);
- `V` — лаборатория Сапиенцы в Риме (`J-V7401`, `J-V4945` на дереве — оттуда);
- `L` — старая лаборатория FTDNA;
- `S`, `U` — Ethnoancestry;
- `Z`, `CTS`, `PF` — 1000 Genomes / Sanger / Франкалаччи;
- `FGC` — Full Genomes Corp; `A` — YSEQ; `Y`, `YP` — YFull;
- `BY`, `FT`, `FTA`, `FTB`, `FTN` ... — Big Y от FTDNA.

Одна ветка может иметь десятков синонимов. FTDNA берёт самое устоявшееся имя, YFull — своё. Поэтому одна и та же ветка на двух ресурсах часто называется по-разному, и это нормально.

Блок эквивалентных SNP и почему дерево ветвится



Ветвление: J-FTG59999 → J-FTH60522 и дочерние линии

Если у ветки пока нет внутреннего разделения, все мутации, накопившиеся на этом отрезке, неразличимы по порядку. Они образуют **блок эквивалентных SNP** — их может быть 1, а может 40. Из блока выбирается одно имя, остальные лежат в списке equivalent SNPs.

Следствие: **новый Big Y-тест может расщепить блок и вставить новый узел там, где вчера была прямая линия.** Дерево не статично.

FTDNA добавляет ветку, когда SNP найден минимум у **двух** Big Y-тестируемых. Мутации, встреченные у одного человека, остаются в его private variants и на публичном дереве не видны — пока не найдётся второй.

«Formed» vs «TMRCA»

Различие, из-за которого чаще всего спорят:

- **Formed** — когда мутация возникла, то есть момент отделения ветки от родительской.
- **TMRCA** — когда жил общий предок всех **известных сегодня** потомков.

Между ними может лежать тысяча лет — это длина «стебля» (stem), участка, где линия шла без сохранившихся боковых ответвлений.

В Time Tree FTDNA показывает одну дату на узел — это TMRCA. Но обе величины есть в отчёте **Haplogroup Story**, первыми же строками:

The J-ZS4880 paternal line was formed when it branched off from the ancestor J-ZS3042 and the rest of humankind around 3950 BCE.



The man who is the most recent common ancestor of this line is estimated to have been born around 3700 BCE.



Нарlogroup Story: дата отделения ветки и дата рождения общего предка

Для J-ZS4880: линия отделилась от предковой J-ZS3042 около 3950 г. до н. э. (formed), а общий предок всех известных сегодня потомков родился около 3700 г. до н. э. (TMRCA). Между ними ~250 лет — это и есть длина стебля.

Внизу той же страницы стебель нарисован явно:

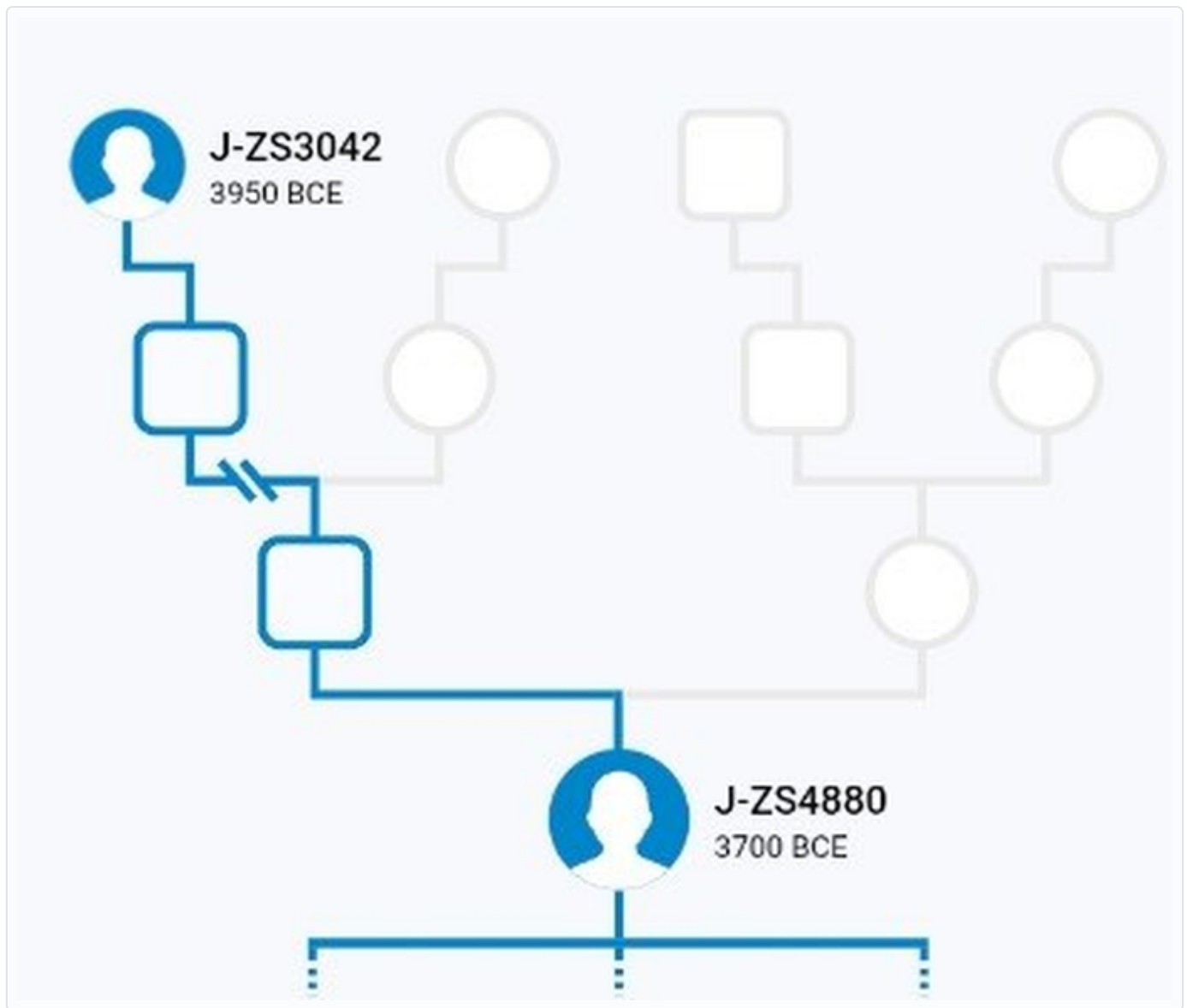


Схема стебля: между J-ZS3042 и J-ZS4880 — безымянные промежуточные мужчины

Квадратики между **J-ZS3042** и **J-ZS4880** — мужчины, которые жили, передали Y-хромосому дальше, но собственного имени на дереве не получили: их боковые линии либо не дошли до наших дней, либо не протестированы. Серые фигуры сбоку — как раз такие несохранившиеся или неоткрытые ответвления. Схема условная, но идею стебля передаёт точно.

YFull показывает `formed` и `TMRCAs` обе. Сравнивая два ресурса, убедитесь, что сравниваете одинаковые величины.

Корень и навигация



Корневой узел текущего вида и стрелка перехода на уровень выше

Оранжевая иконка — узел, с которого построен текущий вид. Стрелка  слева — шаг на одну гаплогруппу вверх по дереву. Клик по любому узлу перецентрирует дерево на него.

4. «У основания», «в корне» — чего на дереве нет

Самая частая ошибка чтения в кавказских ДНК-проектах, и разбирать её стоит подробно: из неё вырастают целые генеалогические конструкции.

Ещё раз, формально

Узел — это один человек, MRCA. Всё, что ниже узла, — множество его потомков. А дерево ниже узла — это **разбиение этого множества на группы**, и больше ничего. Не иерархия старшинства, не таблица рангов, не «кто ближе к предку».

Все, кто вышел из узла, равноправны по отношению к нему. У каждого своя непрерывная цепочка отец → сын от того самого человека до сегодняшнего дня. Одинаковой длины. Одинакового числа поколений ($\pm$ немного, из-за разного возраста отцовства в разных семьях). Никто не «старше» и не «ближе к основанию».

Откуда берётся иллюзия

На картинке визуально есть верх и низ, густые ветки и одинокие линии, уходящие вправо одной палкой без единого узла. И кажется, что такая длинная линия — это «прямая линия от предка», «мы в основании», «мы встали в корень».

Пример прямо на этом дереве:



От корневого узла одна линия идёт до единственного тестирующего — без промежуточных узлов

От **J-ZS4880** (~3500 до н. э.) одна линия уходит вправо до самого края — до единственного современного тестирующего, **без единого промежуточного узла**. Пять с половиной тысяч лет, около 180 поколений, ноль ветвлений.

Значит ли это, что он «в корне ветки» и «старше» остальных? Нет. Это значит ровно одно:

Пока не нашёлся ни один человек, который бы с ним совпал.

Ни один второй Big Y не подтвердил ни одну из его private variants. Как только такой человек появится — на этой линии сразу возникнет узел, потом второй, потом третий, и «длинная палка из бронзового века» превратится в такую же ветвистую структуру, как соседние.

Длинная линия без узлов — это **дырка в данных**, а не свойство линии. Белое пятно на карте не означает, что там океан.

И это не моя интерпретация — FTDNA пишет ровно так же:

He is the ancestor of at least 3 descendant lineages known as **J-B233**, **J-FTG59999** and 1 yet unnamed lineage. ⓘ

There are 23 DNA tested descendants, and they specified that their earliest known origins are from:

- Russia (Republic of Dagestan), Russia (Republic of Chechnya), Ireland, and 1 **other countries** ⓘ

Haplogroup Story: три дочерние линии, одна из них пока безымянная

У **J-ZS4880** перечислены три дочерние линии: **J-B233**, **J-FTG59999** и **«1 yet unnamed lineage»** — одна пока безымянная. Это и есть та самая линия до одинокого тестирующего. Не «корневая», не «базальная» — просто ещё не получившая имени, потому что имя присваивается только когда SNP подтверждён вторым тестом.

Там же виден масштаб всей эмпирической базы: **23 протестированных потомка** на ветку возрастом почти шесть тысяч лет, заявленные страны — Дагестан, Чечня, Ирландия и ещё одна. Двадцать три человека — это всё, на чём стоит картинка целиком.

Густота ветки = количество сданных тестов

Ветка с сорока Big Y выглядит подробной, ветвистой и «молодой». Ветка с одним Big Y выглядит палкой из глубины веков. Разница между ними — в том, сколько родственников дошло до лаборатории. Не в биологии, не в древности, не в старшинстве.

Меняется картинка, а не история. Причём в обе стороны:

- пришёл **дальний** родственник → узел уезжает глубже, TMRCA стареет;
- пришёл **близкий** родственник → под узлом появляется новая молодая подветка.

Чего на Y-дереве нет в принципе

- **Нет отношения «предок — потомок» между живыми людьми.** Два тестирущика на одном дереве — всегда двоюродные братья n-й степени. Никогда не предок и потомок. Даже если один «в корне», а другой глубоко в подветке.
- **Нет старших и младших линий.** Y-хромосома не знает, кто был первенцем.
- **Нет «нашей ветки».** Узел не принадлежит фамилии, тухуму или селу. Он принадлежит человеку, жившему за N поколений до всех участников, и все они — его потомки в равной мере.

Почему «встал в корень» / «у основания» — вредные слова

Термины пришли из филогенетики, где «базальная» ветвь — это ветвь, отделившаяся рано. Но и там давно предупреждают: **базальный ≠ предковый, базальный ≠ примитивный.** Линия, отделившаяся 5000 лет назад, эволюционировала ровно те же 5000 лет, что и все остальные.

В проектах эти слова обычно означают уже не филогению, а претензию: «мы ближе к основанию — значит ветка наша, значит мы коренные, остальные от нас». Это игра в царя горы, к данным отношения не имеющая. **Позиция узла на картинке — не титул.**

Что вместо этого можно измерять

Есть узел. Есть те, кто в него попал. Вот с этим можно работать честно:

- **сколько** Big Y-тестов попало в узел и в каждую подветку;
- **как они распределены** — по сёлам, тухумам, фамилиям, районам;

- **какова доля** узла в выборке конкретного села или тухума;
- **какие подветки образуются** и с какими датами;
- **насколько репрезентативна выборка** — сколько семей вообще протестировано и сколько нет.

Это считается, сравнивается, публикуется с указанием N и наращивается единственным рабочим способом — целенаправленно предлагая тесты недопредставленным семьям. Всё остальное — «выше», «ниже», «в корне», «у основания» — не измеряется, потому что там нечего измерять.

5. Доверительный интервал

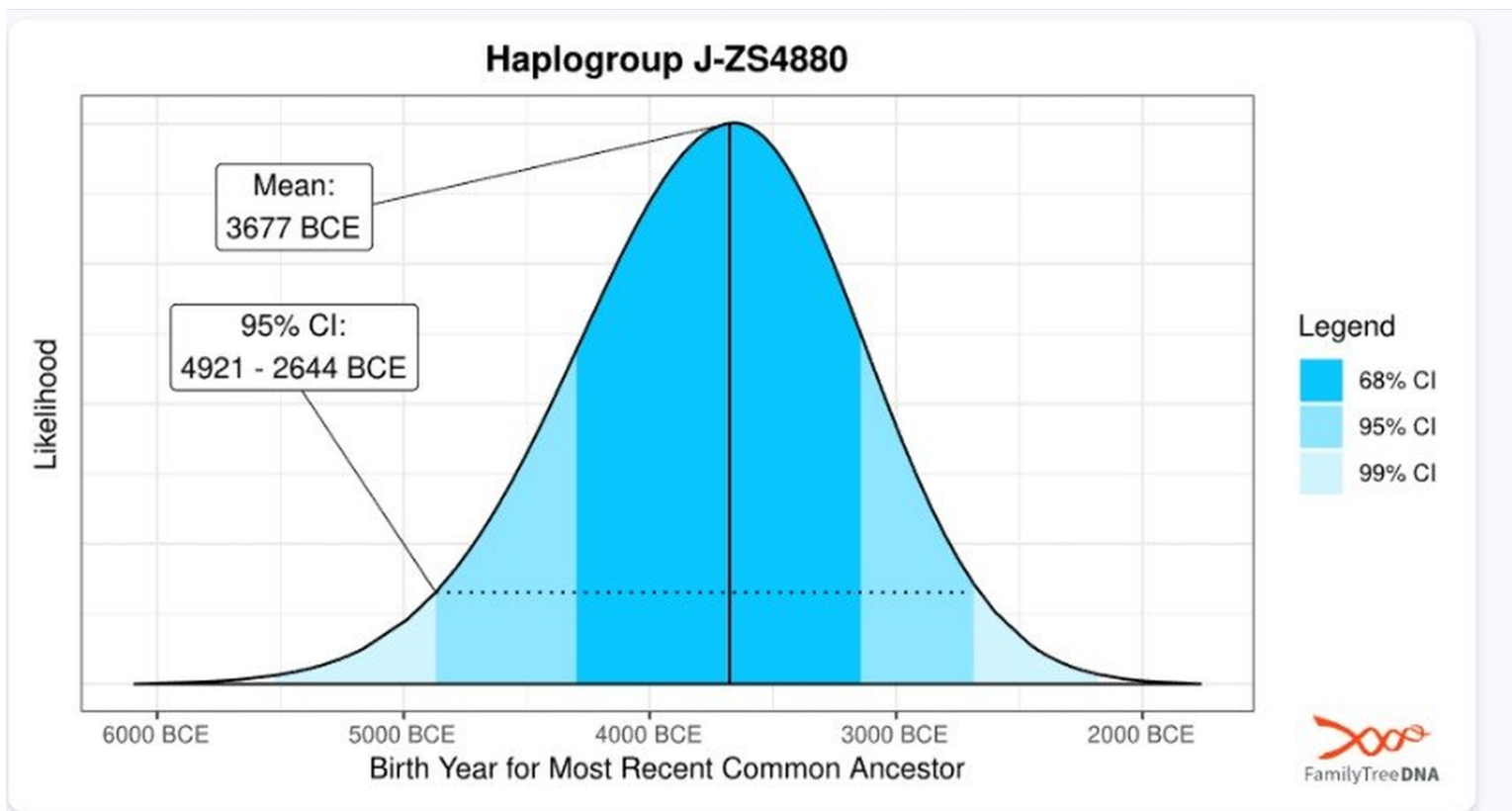


J-FT423523: точка оценки и доверительный интервал шириной ~1750 лет

Пунктирная линия с засечками по краям — **Confidence Bar**. Кружок стоит на **точечной оценке** (среднее по распределению), засечки — границы диапазона.

Что скрыто за пунктиром

Пунктир — это сжатое до отрезка распределение вероятностей. Целиком оно показано в отчёте **Scientific Details → Age Estimate**:



Распределение вероятностей для года рождения общего предка J-ZS4880

По горизонтали — год рождения общего предка, по вертикали — правдоподобие. Кругок в Time Tree стоит на вершине этой кривой, а вложенные оттенки — три уровня доверия.

Числа для J-ZS4880 :

Порог	Лет назад	Календарные даты	Ширина
68% CI	6323 – 5170	4297 – 3144 до н. э.	~1150 лет
95% CI	6947 – 4670	4921 – 2644 до н. э.	~2280 лет
99% CI	7613 – 4161	5587 – 2135 до н. э.	~3450 лет
Среднее	5703	3677 до н. э.	—

Переход с 68% на 95% удваивает диапазон. То есть за фразой «предок жил около 3700 г. до н. э.» стоит среднее, вокруг которого 95%-й интервал занимает больше двух тысяч лет.

Что именно рисует Time Tree. Пунктир у узла — это **95% CI**. Проверяется наложением: правая засечка у J-ZS4880 в дереве стоит ровно на 2644 г. до н. э., то есть на границе 95%-го интервала из таблицы; левая уходит за левый край видимой области, на 4921 г. до н. э. Уровни 68% и 99% в дереве не показываются вообще — за ними только в Scientific Details.

Отдельная история — **FTDNATiP**, оценка TMRCA по Y-STR между двумя совпаденцами. Там пороги 68% / 95% / 99% переключаются вручную, и официальная рекомендация FTDNA — работать с 95%.

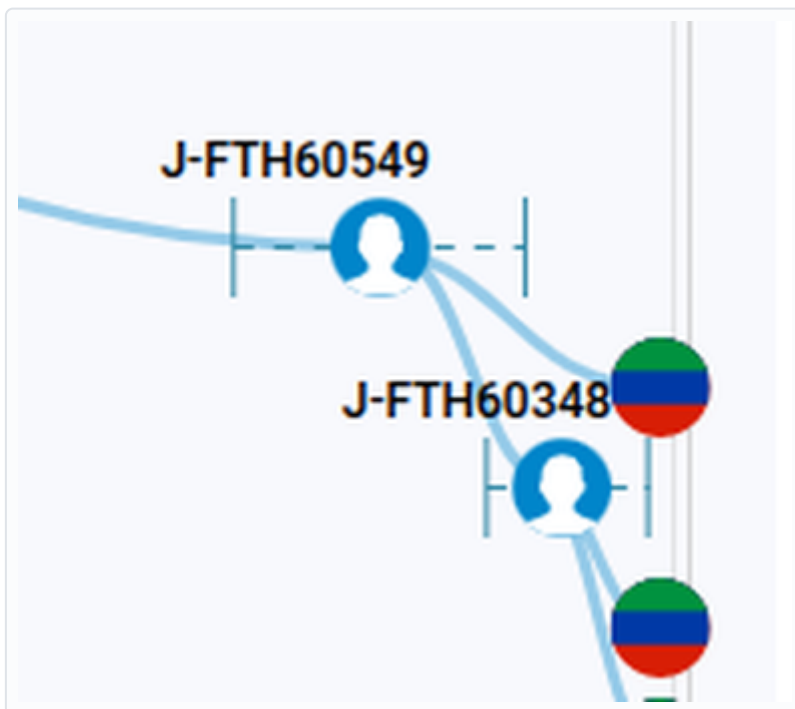
Чем шире порог, тем бесполезнее для генеалогии и тем честнее. 68% красиво выглядит в посте и врёт в трети случаев.

Три примера с одного дерева

J-FT423523 (на скрине выше): точка **~1150 до н. э.**, интервал **~2100 до н. э. ... 350 до н. э.** Ширина — около **1750 лет**.

J-FTN60522: точка **~1000 до н. э.**, интервал **~2100 до н. э. ... 100 до н. э.** Ширина — около **2000 лет**.

J-FTN60549 — молодая ветка:



J-FTN60549 и J-FTN60348 — молодые ветки, интервал ~450 лет

точка **~1500 н. э.**, интервал **~1300 ... 1750 н. э.** Ширина — около **450 лет**.

Правило видно сразу: чем моложе ветка и чем больше в ней тестов, тем уже интервал. Но даже у ветки XVI века разброс покрывает **пятнадцать поколений** — привязать узел к конкретному предку из шеджере по одной дате нельзя.

Как считается дата

Базовая формула: $T = S / (\mu \times C)$, где S — число SNP на отрезке, μ — скорость мутирования, C — покрытие (coverage) участка у конкретных тестов. Если Big Y прочитал меньше — оценка корректируется.

Для веток **моложе ~2000 лет** FTDNA считает длину отрезка и по SNP, и по STR, и усредняет через general additive model.

С 2022 года FTDNA перешла со **строгих молекулярных часов** (одна скорость на всё дерево) на **uncorrelated relaxed clock** — у каждого отрезка своя локальная скорость. Причина: реальное дерево не ультраметрично, скорость накопления мутаций плавает из-за демографии, бутылочных горлышек, разной длины поколения и «почти нейтральных» мутаций.

Насколько это важно, видно на их же калибровочном примере — сэр Джон Стюарт из Бонкила, род. ок. 1246 г.:

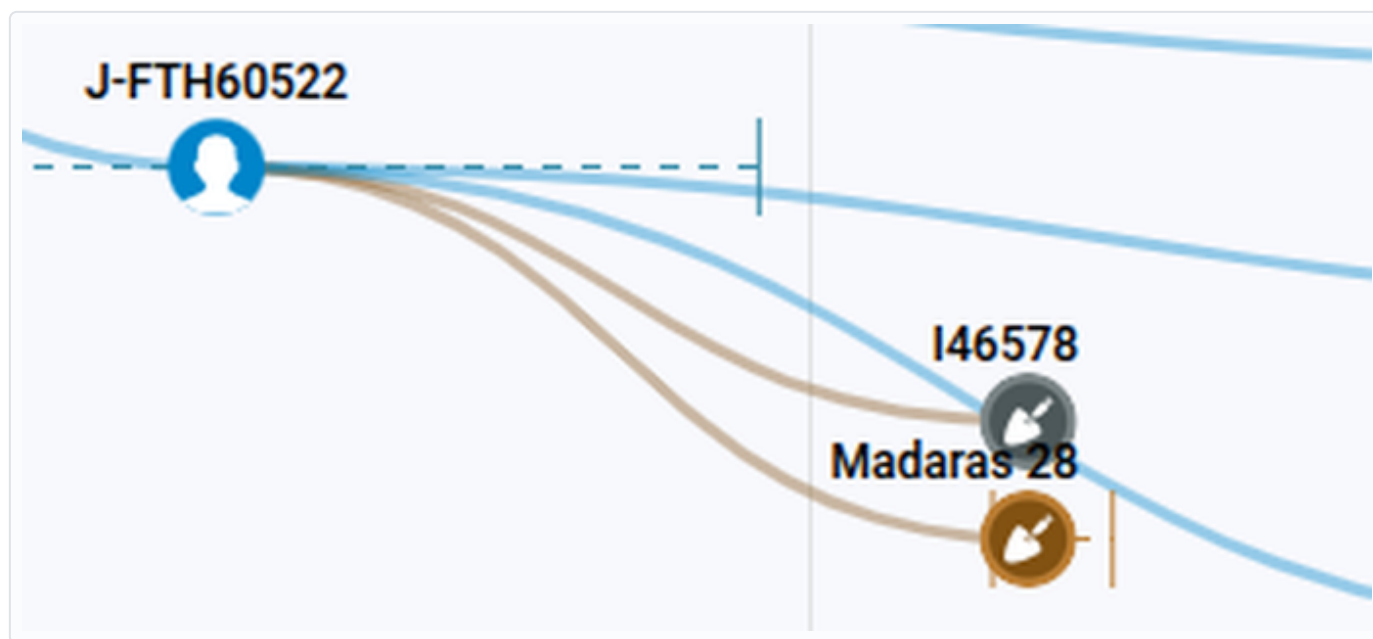
- строгие часы дали 1466 г. — **факт не попал даже в 95% интервал**;
- relaxed clock дал 1237 г.

Разница возникла на длинном стебле выше по дереву, где часы «шли» с 121 года на SNP вместо 98.

Как читать интервал

1. **95% CI — это не «где-то тут точно».** Один раз из двадцати реальная дата лежит вне интервала. Плюс это только *статистическая* неопределённость модели: систематические ошибки калибровки в неё не входят.
2. **TMRCА — возраст общего предка протестированных, а не всей ветки.** Если в ветке пять человек из одного села, TMRCА будет молодым. Придёт дальний родственник из соседнего района — узел «уедет» на 500 лет вглубь. Это не ошибка алгоритма, это смена выборки.
3. **Смотрите N.** Число тестируемых и дочерних веток под узлом важнее самой даты. Узел с двумя Big Y — гипотеза, а не факт.
4. **Сравнивайте интервалы, а не точки.** «FTDNA даёт 900 лет, YFull — 850, расходятся» — это не расхождение, если интервалы 500–1300 и 475–1300. Расхождение — когда интервалы не пересекаются.
5. **Даты пересчитываются при каждом обновлении дерева.** Пишете пост или статью — фиксируйте дату скриншота. Через полгода цифры будут другие.

7. Древние образцы



Древние образцы I46578 и Madaras 28 на узле J-FTN60522

Коричневые линии и иконки с подписью (здесь — I46578 и Madaras 28) — это **Ancient Connections**, образцы древней ДНК.

Тут главная ловушка чтения:

Положение древнего образца по горизонтали — это **археологическая или радио-углеродная датировка самих останков**, а не оценка TMRCA. А ваш общий предок с ним — это **узел, из которого выходит его линия**.

На скрине оба образца висят на J-FTN60522 — это ~1000 год до н. э., то есть **~3000 лет назад**. Иконки же стоят около рубежа эр. Разница почти в тысячу лет, и её легко проглядеть.

И ещё: **древний образец вам не предок**. Он потомок того же общего предка — двоюродный родственник n-й степени.

Каждый образец разбирается вручную R&D-командой FTDNA перед добавлением. Иногда FTDNA присваивает **более узкую гаплогруппу, чем была в исходной статье**, потому что дерево с тех пор разветвилось. Список динамический: по мере появления более близких связей старые уходят из него (кроме самой древней).

8. Display Options

Выпадающее меню фильтров Time Tree:

- **Ancient Connections** — древние образцы;
- **Present-day Testers** — современные тестировщики со странами (< 1000 нижестоящих веток);
- **Notable Connections** — исторические знаменитости;
- **Confidence Bars** — те самые пунктиры. Их можно отключить, и тогда дерево выглядит гораздо увереннее, чем оно есть.

Плюс: **Vertical Spacing** (плотность), **Full Screen**, **Reset** (сбрасывает и фильтры, и навигацию по шкале).

9. Раздел Discover по ветке: что там есть

Haplogroup Story — точка входа и, вопреки названию, один из самых информативных отчётов. Даёт **обе** даты (formed и TMRCA), список дочерних линий с явной пометкой безымянных, число протестированных потомков, их страны, а также значки редких древних и «знаменитых» связей и схему стебля от родительской гаплогруппы.

Country Frequency — распределение по странам. **Самый неверно читаемый отчёт.** Это доли среди протестировавшихся в базе FTDNA, а не популяционные частоты. База сильно смещена: США, Британия, Ирландия перепредставлены в разы; Кавказ, Средняя Азия, Ближний Восток — недопредставлены. Для дагестанских линий проценты по странам почти ничего не значат; значимо только само наличие или отсутствие.

Ancient Connections — см. раздел 7.

Notable Connections — знаменитости. Развлекательный раздел, качество атрибуции очень разное: где-то археология, где-то бумажная генеалогия чужой линии.

Migration Map / Globetrekker — реконструкция маршрута линии от Y-Адама. Самая спекулятивная часть: маршрут интерполируется по древним образцам и современным частотам. Красиво, но это модель, а не данные.

Ancestral Path — цепочка узлов от вашей терминальной гаплогруппы вверх до Y-Адама, с датами на каждом шаге. Практически самый полезный отчёт для выписывания в заметки.

Time Tree / Group Time Tree / Match Time Tree — см. раздел 1.

Compare Haplogroups — берёт две гаплогруппы и показывает, где они сходятся и когда жил их общий предок. Удобно для проверки гипотез вида «эти два тухума — родственники?».

Suggested Projects — проекты, в которых состоят люди из вашей ветки.

Scientific Details — две вкладки. **Age Estimate**: распределение вероятностей, таблица с порогами 68 / 95 / 99% в годах назад и в календарных датах, среднее. Единственное место, где даты можно взять точно, а не снять с оси. **Variants**: список SNP ветки. Плюс изложение методологии — strict vs relaxed clock, mean path length, учёт покрытия, объединение SNP и STR.

10. Чего дерево не говорит

- **Узел ≠ этнос, племя или тухум.** Это один человек. Всё остальное — интерпретация по-верх.
- **«У основания» и «в корне» — не свойства дерева.** См. раздел 4.
- **Флаг ≠ происхождение ветки.** Это самозаявленная страна ЕКА одного тестирующего, часто с ошибками и часто просто «где семья жила в XIX веке».
- **Отсутствие ветки в регионе ≠ отсутствие линии в регионе.** Чаще всего это отсутствие тестов.
- **Древний образец на вашей ветке ≠ ваш предок.**
- **Дата узла ≠ дата события.** Совпадение TMRCA с историческим переселением — гипотеза, требующая независимых подтверждений, а не вывод.

11. Чеклист при разборе ветки

1. Выписать всю цепочку узлов вверх, а не только терминальный SNP.
2. Для каждого узла записать: дату, границы 95% CI, число тестирующих, число дочерних веток. Числа брать из Scientific Details и Haplogroup Story, а не с картинки.
3. Включить Confidence Bars и посмотреть, насколько всё «плывёт».
4. Проверить Ancient Connections: на каком узле висит образец и какова датировка самих останков.

5. Сверить с YFull — та же ветка под другим именем, но независимая модель и явное разделение formed / TMRCA.
6. Сохранить скриншот с датой. После обновления дерева цифры изменятся.
7. Прежде чем строить историческую интерпретацию — посчитать, сколько Big Y стоит за узлом. Часто ответ: два.