

# Следы балтийских славян в генофонде русского населения Восточной Европы

Борис Малярчук

Институт биологических проблем  
Севера Дальневосточного отделения  
Российской академии наук, Магадан,  
685000

## Абстракт

Анализ изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) и Y-хромосомы в популяциях русского населения европейской части России показал, что русские характеризуются низким уровнем генетической дифференциации как по материнским линиям мтДНК, так и по отцовским линиям Y-хромосомы. Более того, генетические различия между русскими популяциями вообще исчезают, если их сгруппировать в соответствии с диалектным членением русского языка или по данным антропологии. Между тем, анализ изменчивости мтДНК в популяциях северной части Европы показал, что некоторые русские популяции Северо-Западного региона России (Псков и Великий Новгород) и поляки Северо-Восточной Польши (Сувалки) достоверно отличаются от соседних популяций славянского (русские и поляки), балтского (литовцы) и угро-финского (эстонцы, карелы, финны) происхождения. Полученные генетические данные позволяют рассматривать псковско-новгородское русское население в качестве отдельной славянской группировки в составе современных восточных славян.

В последние годы значительно усилился интерес к изучению генетических систем, наследуемых по одной из родительских линий – митохондриальной ДНК (мтДНК), наследуемой по материнской линии, и Y-хромосомы, наследуемой по отцовской линии. Совместный анализ этих генетических систем позволяет изучать генетическую структуру популяций и реконструировать историю формирования генофондов с учетом вклада мужских и женских линий ДНК. Результаты подобных исследований русского населения европейской части России показали, что межпопуляционные различия между русскими популяциями не очень велики (Malyarchuk et al., 2004; Малярчук, Деренко, 2008; Корниенко и др., 2009). Необходимо отметить, что добавление в анализ популяций, представляющих

этнографическую группу русских поморов (Архангельская область), приводит к значительному увеличению значений межпопуляционной дифференциации (Balanovsky et al., 2008). Однако поморы отличаются высоким генетическим сходством с финно-угорским населением северной части Европы и высокой степенью подразделенности генофонда, вызванной влиянием дрейфа (Khrunin et al., 2009), и поэтому не могут рассматриваться в качестве типично русского населения – такого, например, как население центральных и южных районов европейской части России.

Нами проведен анализ изменчивости 11 микросателлитных участков (локусов) Y-хромосомы (DYS19, DYS385a,b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439) в популяциях русского населения Калужской, Тульской, Владимирской, Нижегородской, Белгородской, Орловской, Саратовской, Новгородской (г. Великий Новгород и с. Волот), Псковской, Ростовской областей, Ставропольского и

Получен: 10 июня 2009; принят 10 июня 2009; опубликован 11 июня 2009

**Борис Аркадьевич Малярчук**, доктор биологических наук, заведующий лабораторией генетики Института биологических проблем Севера Дальневосточного отделения РАН (Магадан). Область научных интересов – использование методов молекулярной генетики в решении проблем происхождения народов, этногенез славян, мутагенез ДНК.

**Таблица 1.** Генетические различия между русскими популяциями, сгруппированными в соответствии с данными лингвистики и антропологии

Группы популяций	Различия (%)		
	Между группами популяций	Между популяциями внутри групп	Внутри популяций
<b>Y-хромосома</b>			
А (лингвистика)	0.02 (0.44)	0.78 (0.014)	99.19 (0.06)
Б (лингвистика)	0 (0.83)	1.03 (0.015)	99.29 (0.05)
В (антропология)	0 (0.97)	1.67 (0.001)	99.12 (0.01)
<b>мтДНК</b>			
А (лингвистика)	0.05 (0.24)	0.32 (0.003)	99.64 (0.001)
Б (лингвистика)	0.07 (0.14)	0.29 (0.005)	99.63 (0.001)
В (антропология)	0.08 (0.17)	0.28 (0.003)	99.64 (0.001)

Примечание. В скобках приводятся значения уровня значимости различий Р

Краснодарского краев (всего проанализировано 594 человека). Сравнительный анализ показал наличие низкого, но статистически значимого, уровня межпопуляционных генетических различий. Показатель генетической дифференциации FST оказался равен 0.52% при достоверности различий на уровне Р = 0.03. Для выявления возможных генетических различий нами проведен анализ популяций, сгруппированных в соответствии с диалектным членением русского языка на территории европейской части России и на основании данных антропологии. Диалектным объединением русского языка отводится большая роль в изучении внутриэтнической дифференциации русского народа (Захарова, Орлова, 1970). Вместе с тем, данные антропологии также свидетельствуют о том, что в этнотERRиториальном делении русского населения до сих пор отражаются антропологические характеристики летописных племен славян (Алексеева, 1973), и поэтому антропологический критерий вполне может быть использован для определения состава анализируемых групп популяций современного русского населения. Таким образом, популяции объединяли в группы следующим образом (табл. 1):

(А) по говорам и наречиям русского языка: южное наречие (Белгород, Орел, Калуга, Тула), северное наречие (Ярославль), среднерусские говоры (Великий Новгород, Волот, Псков, Владимир, Нижний Новгород);

(Б) по диалектным зонам: юго-западная зона (Белгород, Орел, Калуга, Тула), северо-западная зона (Великий Новгород, Волот,

Псков), северо-восточная зона (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль);

(В) в соответствии с данными антропологии: предполагаемые потомки словен новгородских и псковских кривичей (Великий Новгород, Волот, Псков), кривичей (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль), вятичей (Калуга, Тула), северян (Орел, Белгород).

Проведенный анализ показал, что, несмотря на более высокое значение межгрупповых различий при группировании популяций в соответствии с распределением говоров и наречий русского языка в сравнении с картой диалектных зон, в обоих случаях межпопуляционные различия недостоверны (табл. 1). Это свидетельствует об отсутствии генетических различий по распределению линий Y-хромосомы в группах русских популяций, выделяемых на основании данных лингвистики. Такой же вывод следует и из результатов анализа дифференциации русских популяций, сгруппированных с учетом данных антропологии (табл. 1).

Нами проведен также анализ изменчивости нуклеотидных последовательностей гипервариабельного сегмента 1 (ГВС1) мтДНК в русских популяциях Тульской, Калужской, Владимирской, Ярославской, Псковской, Новгородской (г. Великий Новгород и с. Волот), Белгородской, Нижегородской, Орловской, Саратовской, Курской и Костромской областей и Ставропольского края (всего проанализировано 913 человек. В). Значение межпопуляционной дифференциации FST составило 0.35% (Р = 0.0007). Для дальнейшего анали-

**Таблица 2.** Генетические различия между некоторыми европейскими популяциями по данным об изменчивости mtДНК

Группы популяций	Различия (%)		
	Междуд группами популяций	Междуд популяциями внутри групп	Внутри популяций
3 группы: а – русские; б – поляки; в – литовцы, эстонцы, финны и карелы	0.04 (0.19)	0.42 (0)	99.54 (0.002)
2 группы: а – северо-западные русские, северо-восточные поляки, литовцы и эстонцы; б – остальные русские и польские популяции	0.15 (0.034)	0.37 (0)	99.48 (0)
2 группы: а – северо-западные русские, северо-восточные поляки; б – остальные русские и польские популяции	0.52 (0)	0.32 (0)	99.16 (0)
2 группы: а – северо-западные русские, северо-восточные поляки; б – литовцы, эстонцы, финны и карелы	0.76 (0)	0 (0.6)	99.3 (0.018)

Примечание. В скобках приводятся значения уровня значимости различий Р

за популяции объединяли в группы следующим образом:

(А) по говорам и наречиям русского языка: южное наречие (Белгород, Орел, Калуга, Тула, Курск), северное наречие (Ярославль, Кострома), среднерусские говоры (Великий Новгород, Волот, Псков, Владимир, Нижний Новгород);

(Б) по диалектным зонам: юго-западная зона (Белгород, Орел, Калуга, Тула, Курск), северо-западная зона (Великий Новгород, Волот, Псков), северо-восточная зона (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль, Кострома);

(В) в соответствии с данными антропологии: предполагаемые потомки словен новгородских и псковских кривичей (Великий Новгород, Волот, Псков), кривичей (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль, Кострома), вятичей (Калуга, Тула), северян (Орел, Белгород, Курск). Результаты этого исследования также показали отсутствие статистически значимой дифференциации между русскими популяциями, сгруппированными в соответствии с данными лингвистики и антропологии (табл. 1).

Ранее отмечалось некоторое своеобразие митохондриального генофонда русского населения Северо-Западного региона России (Лункина и др., 2004; Малярчук, Деренко, 2006; Grzybowski et al., 2007). В связи с этим нами проведен анализ данных об изменчивости нуклеотидных последовательностей ГВС1 mtДНК в популяциях Северо-Западного региона России (Великий Новгород, Волот и Псков) в сравнении с другими славянскими популяциями России (русские) и Польши (поляки), а также популяциями соседних народов: балтских (литовцы) и уgro-финских (эстонцы, карелы и финны). Исследование показало, что степень дифференциации проанализированных популяций низка –  $FST = 0.38\%$ ,  $P = 0$ . Однако некоторые популяции Северо-Западного региона России (Великий Новгород и Псков) и Северо-Восточной Польши (Сувалки) демонстрируют очень высокое генетическое сходство. В табл. 2 показаны результаты иерархического анализа изменчивости mtДНК в группах популяций. Видно, что при группировании популяций в соответствии с их этнолингвистической характеристикой (группа русских, группа поляков и группа балтского и уgro-финского происхождения) межгрупповые различия очень низки и недостоверны. Однако выделение

отдельной группы популяций, включающей северо-западных русских (Великий Новгород и Псков), северо-восточных поляков (Сувалки) и популяции балтского и угро-финского происхождения, приводит к достоверному увеличению степени межгрупповой дифференциации (0.15%). Еще большие различия наблюдаются, если отдельная группа представлена только северо-западными русскими и северо-восточными поляками. Это свидетельствует о своеобразии генетической структуры этих популяций по отношению как к остальным славянским популяциям (русским и полякам; 0.52%), так и к популяциям балтского и угро-финского происхождения (0.76%). Анализ генофондов северо-западных русских и северо-восточных поляков в сравнении с их непосредственными соседями – литовцами и эстонцами – также показывает достоверные различия между ними (0.73%). Таким образом, генетическое своеобразие русского населения Северо-Западного региона России и Северо-Восточной Польши не может быть объяснено исключительно лишь их сходством с балтским и угро-финским населением, а является следствием появления уникальной генетической композиции, сложившейся, по всей видимости, в результате взаимодействия трех генофондов – славянского, балтского и угро-финского. Анализ структуры митохондриального генофонда популяций Великого Новгорода, Пскова и Сувалок показал наличие лишь одного генетического компонента – гаплогруппы U5a, которая распространена в этих популяциях с более высокой частотой (в среднем, 16%), чем в соседних славянских, балтских и угро-финских популяциях, где ее частота, в среднем, составляет 7%. Интересной особенностью генофондов популяций Великого Новгорода, Пскова и Сувалок является также присутствие (в среднем, с частотой 2.2%) гаплотипов митохондриальных групп R1 и R2, которые крайне редки в соседних популяциях.

Полученные генетические данные позволяют рассматривать псковско-новгородское русское население в качестве отдельной славянской группировки в составе современных восточных славян. Генетическое сходство псковско-новгородского населения с польско-литовским населением Северо-Восточной Польши (Сувалки) свидетельствует о западных истоках генофонда северо-западных русских. В исторической литературе существует точка зрения о том, что Северная Русь была колонизирована так называемыми балтий-

скими славянами, населявшими Южную Прибалтику и Польское Поморье в эпоху раннего средневековья (Янин, Алешковский, 1971; Седов, 1979). На основании археологических и антропологических материалов и данных лингвистики (главным образом, переводов берестяных грамот) показано, что балтийские славяне продвинулись на восток и стали селиться, начиная с V-VI вв., в северной части Восточно-Европейской равнины (Псковско-Ильменском крае, Полоцком Подвийе, Смоленском Поднепровье) среди местного балтского и угро-финского населения (Седов, 2003). Исследования происхождения древнерусского диалекта позволили предположить, что он был привнесен большой группой славян, пришедших с территории Польского Поморья (Зализняк, 1995). Отсюда следует, что пути развития населения севера и юга Руси издревле различались, однако впоследствии «две славянские традиции» слились и стали развиваться неразрывно (Седов, 2003). Историки считают, что до IX в. в Восточной Европе существовали два территориальных массива славян (область юго-западной Руси с основным киевско-суздальским диалектом и псковско-новгородская область с древнерусским диалектом), объединение которых привело к созданию Древнерусского государства (Александров, Янин, 1987; Зализняк, 2008). Полученные нами генетические данные вполне согласуются с этим сценарием и свидетельствуют о том, что следы былой дифференциации еще хранятся в генофонде современного русского населения.

Автор благодарен М. В. Деренко (ИБПС ДВО РАН, Магадан, Россия) и Т. Гржибовскому (Университет им. Н. Коперника, Быдгощ, Польша) за помощь в проведении данного исследования.

## Литература

- Александров В.А., Янин В.Л. Предисловие // Ключевский В.О. Сочинения: В 9 т. Т. 1. Курс русской истории. Ч. 1. М.: Мысль, 1987. 430 с.  
Алексеева Т.И. Этногенез восточных славян. М: МГУ, 1973. 330 с.  
Зализняк А.А. Древнерусский диалект. М.: Языки русской культуры, 1995. 720 с.  
Захарова К.Ф., Орлова В.Г. Диалектное членение русского языка. М.: Наука, 1970. 169 с.  
Корниенко И.В., Бондаренко Е.В., Михалкович Л.С., Малярчук Б.А., Котова Е.Н. Полиморфизм микросателлитов Y-хромосомы у русского населения Южного Федерального округа Российской Федерации // Генетика. 2009. Т.

45. Н. 1. С. 132-136.
- Лункина А.В., Денисова Г.А., Деренко М.В.,  
Малярчук Б.А. Изменчивость митохондриальной  
ДНК в двух популяциях русского населения  
Новгородской области // Генетика. 2004. Т. 40.  
N. 7. С. 975-980.
- Малярчук Б.А., Деренко М.В. Генетическая  
дифференциация русского населения  
Восточной Европы // Вестник СВНЦ ДВО РАН.  
2006. N. 2. С. 59-66.
- Малярчук Б.А., Деренко М.В. Структура генофонда  
русского населения европейской части России  
по данным о распределении гаплогрупп  
Y-хромосомы // Генетика. 2008. Т. 44. N. 2. С.  
111-116.
- Седов В.В. Происхождение и ранняя история  
славян. М.: Наука, 1979. 157 с.
- Седов В.В. Этногенез ранних славян. Вестник РАН.  
2003. Т. 73. № 7. С. 594-605.
- Янин В.Л., Алешковский М.Х. Происхождение  
Новгорода (к постановке проблемы) // История  
СССР. 1971. № 2. С. 32-61.
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A. et al. Two  
sources of the Russian patrilineal heritage in their  
Eurasian context // Am. J. Hum. Genet. 2008. V.  
82. P. 236-250.
- Grzybowski T., Malyarchuk B.A., Derenko M.V. et al.  
Complex interactions of the Eastern and Western  
Slavic populations with other European groups as  
revealed by mitochondrial DNA analysis // Foren-  
sic Sci. Int. 2007. V. 1. P. 141-147.
- Khrunin A., Mihailov E., Nikopensius T. et al. Analy-  
sis of allele and haplotype diversity across 25 ge-  
nomic regions in three Eastern European popula-  
tions // Hum. Hered. 2009. V. 68. P. 35-44.
- Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T. et al. Dif-  
ferentiation of mitochondrial DNA and Y chromo-  
some in Russian populations // Hum. Biol. 2004.  
V. 76. P. 877-900.