

## ГЕНОФОНД РУССКОГО СЕВЕРА: СЛАВЯНЕ? ФИННЫ? ПАЛЕОЕВРОПЕЙЦЫ?

Балановская<sup>1</sup>, Д.В. Пежемский<sup>2</sup>, А.Г. Романов<sup>1</sup>, Е.Е. Баранова<sup>3</sup>, М.В. Ромашкина<sup>3,4</sup>,  
А.Т. Агджоян<sup>5</sup>, А.Г. Балаганский<sup>1</sup>, И.В. Евсева<sup>1,6</sup>, Р. Виллемс<sup>7</sup>, О.П. Балановский<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Медико-генетический научный центр РАМН, Москва

<sup>2</sup> НИИ и Музей антропологии МГУ, Москва

<sup>3</sup> Институт общей генетики им.Н.И. Вавилова РАН, Москва

<sup>4</sup> Мордовский государственный университет им. Н.П. Огарёва, Саранск

<sup>5</sup> Харьковский государственный университет им. В.Н. Каразина, Харьков, Украина

<sup>6</sup> Anthony Nolan blood cancer charity, Лондон, Великобритания

<sup>7</sup> Эстонский биоцентр, Тарту, Эстония

Данное исследование генофонда Русского Севера посвящено памяти М.В. Ломоносова, который всегда помнил, что он родом из Холмогор Архангельской губернии. Не имея возможности изучить генофонд его прямых потомков, мы предприняли исследование генофонда его земляков, ныне населяющих Архангельскую область. Во-первых, создали возможно более полный генетический портрет населения Русского Севера – по всем основным системам ДНК полиморфизма (Y хромосомы, митохондриальной ДНК, аутомсомных ДНК маркеров) и по распространению фамилий. Во-вторых, провели его панорамное сравнение с генофондами России и Европы. Освоение Русского Севера считается одной из важнейших вех в этногенезе русского народа. При этом многие исследователи указывают, что гено- и фенотип северных русских сформирован не только (или даже не столько) древнерусской колонизацией этого края, сколько мощным субстратом дославянского (финно-угорского) населения. Поэтому третья задача работы – приблизиться к пониманию причин своеобразия населения Архангельской области.

По данным о распределении фамилий население Русского Севера (включая и Холмогоры) целиком принадлежит к общему массиву популяций, представляющих исконный ареал русского народа. Своеобразие фамилий северно-русских популяций выражено четко, но не максимально: средние отличия фамилий Северного региона от остальных регионов такие же ( $d=1.2$ ), как и отличия фамилий Восточного региона ( $d=1.1$ ), и меньше, чем отличия фамилий кубанских казаков ( $d=1.6$ ).

По данным о полиморфизме Y хромосомы (отражающей наиболее дифференцированные отцовские линии наследования) все популяции Архангельской области входят в обширный «северный» кластер вместе с популяциями вологодских русских, балтов (латышей и литовцев), финноязычных народов (коми, финнов, эстонцев и сборной группы карелов, вепсов и ижорцев), а также германоязычных шведов. При этом сходство Русского Севера с географически отдаленными балтами более выражено, чем с финно-уграми: оно характерно для каждой популяции Русского Севера, в то время как и степень сходства разных северно-русских популяций с финно-уграми, и спектр генетически сходных финноязычных народов оказывается различным. В целом, генетическое сходство столь пестрого в лингвистическом отношении (славяне, балты, финно-угры, германцы), но единого в географическом пространстве (от Балтики до Печоры) континуума популяций может указывать на сохранение на этой территории палеоевропейского генофонда, предшествовавшего разделению балто-славянских и финских лингвистических общностей.

По митохондриальной ДНК (отражающей материнские линии наследования) Русский Север обнаруживает близость с еще более обширным массивом народов северной половины Европы. Генетически наиболее близкими к Русскому Северу оказались норвежцы и немцы, в кластер вошли также австрийцы, швейцарцы, поляки, боснийцы, литовцы, ирландцы, шотландцы. Близкий кластер образован остальными русскими популяциями, шведами, эстонцами, латышами, белорусами, украинцами, чехами, словаками, венграми. При этом основной массив финноязычных популяций – финны, карелы, коми, мордва и мари – максимально удален и от всего европейского массива, и от Русского Севера, что отрицает предполагавшийся ранее мощный вклад финно-угорского пласта в формирование населения Русского Севера.

Данные по наиболее изученному и высоко полиморфному в Европе аутосомному маркеру *CCR5del32* подтверждают этот вывод: область регулярно встречаемых высоких частот *CCR5del32* охватывает генофонд населения северной половины Европы, указывая на существование мощного общего генетического пласта, включающего в себя и Русский Север. Причем по числу народов с высокой частотой *CCR5del32* финноязычные народы уступают и германоязычным, и славянским.

В целом, обнаруженное сходство генофонда Русского Севера с генофондами Центральной Европы и севера Восточной Европы позволяет выдвинуть гипотезу о сохранении на этих территориях (в том числе и на Русском Севере) древнего генофонда Европы, восходящего, возможно, еще к эпохе мезолита. Этот палеоевропейский генофонд был унаследован как северными древнерусскими популяциями, так и частью финноязычных племен, расселившихся здесь в более раннее время. Полученные данные позволяют предположить, что палеоевропейское население севера Восточной Европы, на основе которого сформировалось также балтское и германоязычное население современной Европы, длительное время сохранялось в регионах, прилегающих к Белому морю, и в эпоху раннего средневековья испытало мощное влияние северной волны древних славян. Поэтому ответ, который молекулярная генетика в настоящий момент может дать на вопрос, вынесенный в заголовок статьи, можно сформулировать таким образом: «генофонд Русского Севера = палеоевропейцы + северная волна славянской колонизации». Эта гипотеза не противоречит данным палеоантропологии, но требует дальнейшей проверки – как методами генетики, так и антропологии.

Ключевые слова: генофонд, Ломоносов, Русский Север, Y хромосома, митохондриальная ДНК, аутосомные ДНК маркеры, фамилии

## Введение

Данное исследование генофонда Русского Севера было специально проведено в связи с 300-летним юбилеем М.В. Ломоносова и посвящено его памяти. Михаил Васильевич Ломоносов всегда помнил, что он родом из Холмогор Архангельской губернии и поддерживал связь с земляками-поморами. Не имея возможности изучить генофонд его прямых потомков, мы предприняли исследование генофонда его земляков, и ныне населяющих Архангельскую область.

При этом мы пытались решить три задачи.

*Первая задача* – создать возможно более полный генетический портрет населения Русского Севера. Для ее решения мы привлекли собственные данные и доступные нам опубликованные данные наших коллег по всем трем основным системам ДНК полиморфизма – Y хромосомы (отцовские линии наследования), митохондриальной ДНК (материнские линии наследования), аутосомных ДНК маркеров. Особое внимание было уделено анализу распространения фамилий, которые по-

зволяют исследовать не ограниченные выборки (как другие типы маркеров), а изучить популяции тотально. Поскольку данные по Холмогорам имеются только по фамилиям (ДНК-маркеры были изучены в других районах Архангельской области), анализ фамилий имеет самое непосредственное отношение к памяти М.В. Ломоносова.

*Во-вторых*, мы провели широкое панорамное сравнение генофонда Русского Севера с генофондами России и Европы. Освоение Русского Севера признается одной из важнейших вех в этногенезе русского народа. При этом многие исследователи указывают, что гено- и фенотип северных русских сформирован не только (или даже не столько) древнерусской колонизацией этого края, сколько мощным субстратом финно-угорского населения [Алексеев, 1969. С. 204–205; Санкина, 2000. С. 64]. Наши предыдущие исследования выявили широтную изменчивость русского генофонда, задаваемую «противостоянием» севера и юга. (Анализировался исконный ареал – территории, населенные русскими еще до колонизации Дикого поля, Кавказа, Урала и Сибири). Причем

эта широтная закономерность выявлена по всем изученным системам – соматологии, дерматоглифики, классических генетических маркеров, фамилий [Балановская, Балановский, 2007]. Дальнейшие исследования изменчивости Y хромосомы [Balanovsky et al., 2008] и митохондриальной ДНК [Балановский и др., 2010] – только подтвердили эту закономерность. При этом сравнительный анализ русского генофонда с генофондами народов Европы по наиболее дифференцированным маркерам Y хромосомы [Balanovsky et al., 2008] обнаружил, что популяции Архангельской и Вологодской областей по спектру гаплогрупп Y хромосомы «отрываются» от основной массы популяций русских, украинцев и поляков, «направляясь» к кластерам не только финноязычных, но также германоязычных популяций (шведов, немцев).

Поэтому *третья задача* работы – приблизиться к пониманию причин своеобразия населения Архангельской области, проведя сравнительный анализ результатов разных систем маркеров и разных генофондов. Сводится ли своеобразие северно-русских популяций просто к «финно-угорскому пласту» или можно сказать нечто большее? Мнение «поскреби северного русского и увидишь финно-угра» прочно вошло не только в научное, но и в общественное сознание. Однако авторов всегда смущала такая постановка вопроса – ведь генофонды самих народов, говорящих на финно-угорских языках, резко отличаются друг от друга.

К тому же эколого-географические условия жизни северных популяции способствуют их изоляции и росту генетических различий. Если южные области представляют высокопродуктивную среду обитания для популяций человека (особенно черноземная полоса), то северные области лесной зоны уже не столь продуктивны и могут обеспечивать меньшую по численности популяцию. Еще далее к северу в полосе лесотундры может существовать малочисленное население, к тому же изолированное друг от друга и самим географическим расстоянием, и меньшей «проходимостью» территории. Все эти факторы имели большое значение в прошлые века и тысячелетия – в период формирования генофондов севера Восточной Европы. Но даже и сейчас сравнение, например, густоты и качества дорожной сети северных и южных областей Европейской России хорошо иллюстрирует изолированность северных популяций. Популяции в экологических условиях Севера из-за меньшей продуктивности среды распадаются на ряд изолированных субпопуляций, между которыми, с одной стороны, нарастают различия, а с другой стороны, члены одной субпопуляции становятся в черед поколений все

более генетически сходными (вследствие случайного инбридинга). Вырисовывается картина взаимосвязанных изменений от юга к северу сразу нескольких параметров [Балановский и др., 2011]: географическая широта возрастает, продуктивность среды падает, плотность населения убывает, эффективный размер популяции убывает, изоляция субпопуляций возрастает, дрейф генов возрастает. Увеличение интенсивности дрейфа генов приводит также к увеличению уровня случайного инбридинга, а, следовательно, и генетического груза популяции. Это подтверждается достоверной корреляцией между отягощенностью популяций аутосомно-рецессивной наследственной патологией и гаплотипическим разнообразием митохондриальной ДНК [Балановский и др., 2011]. Таким образом, своеобразие северных русских популяций отчасти может быть вызвано эколого-географическими условиями их жизни.

В антропологическом отношении современное население Архангельской области изучено достаточно полно. Это позволяет дать ему обобщенную характеристику и вписать в морфологическое разнообразие населения других регионов. Хорошо известно, что Русская антропологическая экспедиция Института этнографии АН СССР, работавшая в 1955–1959 гг. под руководством В.В. Бунака и Т.И. Алексеевой, лишь частично коснулась северных групп русских. Однако этнографо-антропологическая экспедиция МГУ под руководством М.В. Витова в те же годы изучила Русский Север значительно подробнее, что позволило существенно дополнить картину антропологического разнообразия Восточной Европы [Происхождение и этническая история...; Витов, 1997; Алексеева, 1999; Алексеева, Давыдова, 2005]. В результате работ М.В. Витова стало ясно, что практически весь Русский Север входит в зону распространения уже хорошо известного ильменского антропологического типа (ильменско-белозерского – по М.В. Витову). Для него характерны сравнительно большая длина тела (167 см), мезокефалия (81–82), относительно узкое, довольно сильно профилированное лицо, высокий процент светлых глаз (45–57%), значительный процент светлых оттенков волос (29–40%) и относительно сильный рост бороды. В 1930–1940-х гг., еще до подробного исследования населения Русского Севера, Н.Н. Чебоксаровым были изучены некоторые финноязычные группы, которым также был свойственен данный антропологический тип. В результате на некоторое время сформировалось неверное представление о том, что он характерен именно для финских народностей. Этот стереотип зачастую не позволяет правильно оценить антропологиче-

ские особенности как современного, так и древнего славянского населения северных областей Восточной Европы.

По данным целого комплекса наук – археологии, этнографии, лингвистики – заселение Русского Севера происходило из Новгородских земель и началось не позднее XII века. Не противоречат этому и данные палеоантропологии. Более того, они помогают понять целый ряд особенностей этого процесса, наполнить его новым содержанием. Работа в этом направлении проделана огромная и, тем не менее, она еще далека от завершения. Кроме того, недостаточно полно изучена палеоантропология средневекового населения собственно Ильменского бассейна и некоторых ближайших к нему микрорегионов. Не вдаваясь подробно в историю палеоантропологического изучения Северо-Запада, упомянем, что уже первые работы по краниологии новгородцев, написанные в 1870-х гг. А.П. Волкенштейном и А.П. Богдановым, позволили наметить сложный антропологический состав региона и указать на существование здесь как минимум двух антропологических комплексов, один из которых – длинноголовый – связывался со славянами, другой – более круглоголовый – ассоциировался с финно-угорским населением. Подтвердить реальность данных краниологических комплексов довелось в 1930-е гг. Н.Н. Чебоксарову, данные которого были опубликованы и обсуждены Г.Ф. Дебецем. Он отмечал, что генетическая связь между этими комплексами маловероятна, особенно с учетом гипоморфии одного из них, обладающего несколько более плоским лицом, слабо выступающим переносьем и сглаженными собачьими ямками [Дебеч, 1948. С. 240]. Детализировать эти положения удалось В.В. Седову, который гораздо полнее охарактеризовал «словенский» и «чудской» краниологические комплексы, связал их с особенностями материальной культуры, в том числе погребального обряда [Седов, 1952, 1953]. Если В.В. Седов описывал лишь два основных краниологических варианта на территории Северо-Запада, то Т.И. Алексеева позднее выделяла здесь не менее шести краниологических вариантов [Алексеева, 1963]. В фундаментальном труде «Этногенез восточных славян по данным антропологии» новгородские словене были охарактеризованы Т.И. Алексеевой в основном по данным В.В. Седова. Они представили как население мезокранное, с относительно высокой мозговой капсулой, среднешироким, низким и при этом резко профилированным лицом, сильно выступающим носом при хорошо развитом, высоком и широком переносье [Алексеева, 1973. С. 64–65]. Именно этот краниологический тип

М.В. Витов напрямую связывал с широко распространенным на Русском Севере и Северо-Западе ильменско-белозерским антропологическим типом [Витов, 1997. С. 15]. Этот же краниологический вариант описан нами для позднесредневекового городского населения Великого Новгорода и Старой Руссы [Пежемский, 2000, 2004].

После работ В.В. Седова и Т.И. Алексеевой к систематическому изучению средневекового населения Северо-Запада обратились Н.Н. Гончарова и С.Л. Санкина, результаты исследований которых в отдельных частях очень разнятся. С одним из основных выводов Н.Н. Гончаровой можно полностью согласиться. Это вывод об относительно слабом влиянии субстратного населения на антропологический облик населения Новгородской земли, который, по ее мнению, отражает характерные особенности именно славянского населения. Прделанные многомерные анализы позволили ей связать краниологические особенности словен новгородских с балтийскими славянами и подчеркнуть их относительную обособленность от всего восточнославянского мира [Гончарова, 1995, 2000, 2003].

В свою очередь С.Л. Санкина, также опираясь на современные методы многомерной статистики, уверенно разделила краниологические особенности балтских и финских групп. Первые характеризуются более длинной мозговой капсулой, более широкими орбитами, высоким и значительно более выступающим носом, чем вторые. При этом, по ее мнению, ранние новгородские популяции, XI–XIII вв., в краниологическом отношении, бесспорно, тяготеют к балтским группам, а более поздние, XIV–XVI вв., – к финским [Санкина, 2000. С. 63–64]. Важно отметить, что именно С.Л. Санкиной удалось обосновать хронологическую приуроченность этих двух разных краниологических комплексов средневековых новгородцев и, таким образом, зафиксировать смену антропологического состава населения Новгородской земли на рубеже XIII и XIV в. Поздние новгородцы, по ее мнению, по большей части впитали в себя финский субстрат или вообще являются славянизированными потомками местного финского населения. Совсем не касаясь в данной работе вопроса о финно-угорских народах, упомянем, тем не менее, точку зрения В.И. Хартановича, который выделяет в этом населении не менее четырех антропологических типов [Хартанович, 2001].

Широко распространенное мнение, согласно которому русское население Севера и Северо-Запада активно вбирало в себя субстратное финно-угорское население, восходит, судя по всему, к самому М.В. Ломоносову, писавшему об ассими-



Рис. 1. Карта расположения пяти изученных нами районов Архангельской области

ляции «чуди» [Ломоносов, 1766. С. 6–7]. Отчасти это подтверждается и современными антропологическими данными [Витов, 1997. С. 21–22]. Однако можно ли говорить о широком влиянии субстрата на славянское население Русского Севера, как это делал, например, В.П. Алексеев, пока не ясно [Алексеев, 1969. С. 204–205]. Материалы данной работы дают скорее отрицательный ответ на этот важнейший вопрос.

### Материалы и методы

Для создания генетического портрета населения Архангельской области использована вся доступная нам информация о полиморфизме четырех систем признаков – Y хромосомы, митохондриальной ДНК (мтДНК), аутомсомных ДНК маркеров и квазигенетических маркеров – фамилий (табл. 1, рис. 1). Использовались как архивные и опубликованные данные лаборатории популяционной

генетики человека МГНЦ РАМН, так и опубликованные данные других авторов. В контексте данной работы термины «генофонд населения Архангельской области» и «генофонд Русского Севера» использованы как синонимы. ДНК коллекции лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН (далее сокращенно обозначается ЛПГЧ), представляющие основной исторический ареал русского народа, генотипировались О.П. Балановским по мтДНК и частично по Y хромосоме в Эстонском биоцентре РАМН (рук. Р. Виллемс), остальная часть данных по Y хромосоме и данные по аутомсомным ДНК маркерам получены в ЛПГЧ (табл. 1).

Для сравнительного анализа с другими русскими популяциями и народами Европы использована информация из созданных нами баз данных по мтДНК и Y хромосоме (табл. 2). Эти две системы маркеров являются в настоящее время наиболее изучаемыми: ежегодно в мире публикуются десятки популяционно-генетических работ, посвященных анализу мтДНК и Y хромосомы в по-

**Таблица 1. Общая характеристика русских популяций, изученных по трем системам ДНК маркеров и квазигенетическим маркерам (фамилиям)**

Популяция	Условное обозначение на графиках	Численности выборок по маркерам				Координаты		Источник информации****
		Фамилии	мт ДНК	Y хромосома	Аутосомные ДНК маркеры (CCR5)**	широта	долгота	
<b>РУССКИЕ АРХАНГЕЛЬСКОЙ обл.:</b>								
Холмогорский р-н	АРХ-Холмогоры	23331	–	–	–	64.1	41.4	[22]
Лешуконский р-н	АРХ-Мезень	7965	–	54	91 (92)	64.2	46.2	[22, 37, 45, 46]
Пинежский р-н	АРХ-Пинега	3199	144*	114	142 (148)	63.8	46.9	[22, 37, 45, 46]
Красноборский р-н	АРХ-Красноборск	12496	–	91	114 (116)	61.9	46.6	[22, 37, 45, 46]
Каргопольский р-н	АРХ-Каргополь	20511	76	–	–	61.8	38.8	[22, 47]
Поморы	АРХ-Поморы	–	81	–	–	66.0	42.0	[Tonks et al.]***
Архангельская обл.	АРХ-Roewer****	–	–	42	–	63.1	42.8	[72]
Архангельск	АРХ-Mirabal****	–	–	28	–	64.3	40.3	[62]
<b>ДРУГИЕ РУССКИЕ ПОПУЛЯЦИИ</b>								
Белгородская обл.	Р-Белгород	750392	148*	143	(431)	51.3	36.8	[22, 45, 46]
Вологодская обл.	Р-Вологда	–	–	121	118 (121)	59.4	39.2	[37, 45, 46]
Воронежская обл.	Р-Воронеж	10670	–	96	(116)	51.1	39.1	[22, 45, 46]
Калужская обл.	Калуга	38697	–	–	(36)	54.3	36.2	[22, 45]
Кемеровская обл.	Кемерово	125414	–	–	–	55.2	86.0	[22]
Костромская обл.	Р-Кострома	78375	79*	52	75 (171)	58.6	45.3	[22, 37, 45, 46]
Курская обл.	Р-Курск	25461	–	85	(43)	51.4	36.6	[22, 45, 46, 62]
Ленинградская обл.	С-Петербург	435342	–	–	–	59.6	30.2	[22]
Орловская обл.	Р-Орел	82906	–	110	(98)	52.1	38.0	[22, 45, 46]
Псковская обл.	Р-Псков	–	–	132	111	57.9	29.2	[37, 46]
Рязанская обл.	Рязань	56164	–	–	(123)	54.4	39.4	[22, 45]
Смоленская обл.	Р-Смоленск	150251	147*	107	144 (133)	54.6	33.5	[22, 37, 45, 46]
Тамбовская обл.	Тамбов	16801	–	–	–	52.4	41.3	[22]
Тверская обл.	Р-Тверь	24708	–	111	101(104)	57.1	36.8	[22, 37, 45, 46, 62]
Казак донские	Р-Донские казаки	–	–	324*	–			
Казак кубанские	Р-Кубанские казаки	9256	132*	90	142 (143)	44.9	40.3	[22, 37, 45, 46]
Казак терские	Р-Терские казаки	–	–	–	50	43.4	44.0	[37]

Примечания. \* Архивные данные ЛПГЧ (лаборатории популяционной генетики человека МГНЦ РАМН).

\*\* Перед скобками приведены размеры выборки по Alu-инсерциям, в скобках – по маркеру CCR5del32.

\*\*\* Данные по сиквенсам ГВС1 мтДНК, депонированные на [www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank).

\*\*\*\* Номера указаны в списке библиографии после каждой публикации в квадратных скобках.

\*\*\*\*\* Авторы публикаций

**Таблица 2. Характеристика данных по народам Европы, использованных для сравнительного статистического анализа по гаплогруппам Y хромосомы и митохондриальной ДНК**

Народы	Численности выборок по маркерам		Координаты		Источник информации ***
	мтДНК	Y хромосома	широта	долгота	
Австрийцы	117	–	47.4	11.4	[52, 64]
Белорусы	260	196	53.6	25.7	[7, 47]
Боснийцы	322	–	43.9	18.4	[58], [Harvey et al.]*
Венгры	190	150	46.9	22.1	[7, 51]**
Ирландцы	300	–	53.5	350.9	[61]
Карелы	305	–	64.0	32.0	[72]**
Карелы, вепсы, ижорцы	–	132	61.8	32.6	[7]
Коми	127	103	62.6	51.5	[7, 48]
Латыши	413	113	56.9	24.7	[7, 67]**
Литовцы	180	464	55.5	23.9	[7]**
Марийцы	136	–	56.0	48.1	[48]
Мордва	99	–	54.3	44.5	[48]
Немцы	1406	–	51.6	10.4	[44, 54, 57, 66, 68, 70]
Ненцы	–	148	65.7	66.8	[7]
Норвежцы	663	–	59.9	10.6	[50, 53, 63, 65, 71]
Поляки	583	–	52.0	21.0	[59, 71]**
Словаки	510	–	48.8	19.3	[Metspalu et al.]*, [Koledova et al.]*
Словенцы	233	75	46.0	14.3	[7]
Украинцы	610	405	49.6	29.9	[7]
Финны Финляндии	508	1017	61.7	24.5	[7, 55, 56]
Финны Карелии	–	70	61.6	28.5	[7]
Чехи	449	–	50.1	14.2	[60, 71, 74]**
Шведы	646	160	59.9	15.8	[7, 55, 73]**
Швейцарцы	230	–	46.7	6.6	[49, 69]
Шотландцы	891	–	58.0	355.0	[53]
Эстонцы	662	118	58.7	25.8	[7, 72, 73]**

Примечания. \*Данные по сиквенсам ГВС1 мтДНК, депонированные на [www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank).

\*\*Наряду с указанными источниками использованы также данные Эстонского биоцентра

\*\*\* Номера указаны в списке библиографии после каждой публикации в квадратных скобках

пуляциях мира. Коллектив ЛПГЧ в течение ряда лет ведет большую работу по сбору и систематизации этой информации в рамках специальных баз данных (БД). Так, БД «МУРКА» (база данных по митохондриальной ДНК и интегрированное программное обеспечение, основные составители: В.В. Запорожченко, О.П. Балановский, А.С. Пшеничнов, Е.В. Балановская) в 2004 году содержала информацию о 33 000 образцах мтДНК; в 2007 году – о 62 000; в 2008 году – о 95 000; в 2010 году – о 135 000, на текущий момент – о 170 000 образцах.

Еще более интенсивный рост объема и качества информации характерен для базы данных по полиморфизму Y хромосомы «Y-base» (рук. О.П. Балановский), создаваемой по гранту РФФИ № 10-07-00515а: в настоящее время она является наиболее полной в мире по информации о рас-

пределении гаплогрупп Y хромосомы в популяциях человека. Важной чертой этих баз данных является тщательная фиксация характеристик изученных популяций: не только их название и объем выборки, но и административная принадлежность (страна, провинция), этническая и лингвистическая принадлежность, географические координаты, ссылки на источник данных и т.д. Базы данных позволили отобрать два массива информации – для многомерного статистического и для картографического анализа.

Для анализа истоков своеобразия генофонда Русского Севера отобраны шесть гаплогрупп Y хромосомы (I1, I2b1, N1b, N1c, R1a1, R1b1), наиболее распространенных на севере Европейской России. Для анализа митохондриальной ДНК использованы данные по частотам 16 гаплогрупп (A, C, D, H, HV, I, J, K, T, U2, U3, U4, U5a, U5b, V, W).

При отборе популяций для многомерного анализа мы стремились к тому, чтобы они были изучены по гаплогруппам и Y хромосомы, и митохондриальной ДНК. Для анализа третьей системы ДНК полиморфизма – ауtosомных ДНК маркеров – привлечены наши собственные данные по 10 русским популяциям (три из них представляют Архангельскую область), изученным по единой панели Alu-инсерций (**ACE**, **АРОА1**, **В65**, **PV92**, **ТРА25**), а также данные по СПИД-протекторной делеции в локусе CCR5 (**CCR5del32**), изученной в 14 русских популяциях (табл. 1).

Отметим особенности этих трех генетических систем, важные для интерпретации результатов. Нерекombинирующие маркеры Y хромосомы и митохондриальной ДНК относятся к «однородительским» маркерам: они передаются только по одной линии наследования (Y хромосома – по отцовской линии, мтДНК – по материнской). Благодаря этому генетическая информация передается в поколениях без «перетасовки» отцовского и материнского генома, и все различия между гаплогруппами зависят только от мутационного

процесса, причем известна «генеалогия» гаплогрупп – их происхождение и степень родства друг с другом. Однако однородительские маркеры по определению обладают «одинарным», а не «двойным» набором генов (как в случае ауtosомных маркеров), и поэтому генетически эффективный размер популяции ( $N_e$ ) для однородительских маркеров в два раза меньше, а дрейф генов ( $1/N_e$ ), соответственно больше, чем для ауtosомных маркеров.

Вторая, более важная особенность связана с уровнем дифференциации популяций. Для населения с патрилокальной традицией межпопуляционное разнообразие по маркерам Y хромосомы значительно выше, чем разнообразие по мтДНК и по ауtosомным маркерам. Например, для восточнославянских популяций (рис. 2, А) было показано [Пшеничных, 2007], что межпопуляционное разнообразие Y хромосомы в 7 раз выше, чем разнообразие по мтДНК и по ауtosомным ДНК маркерам. Для коренного населения Кавказа (рис. 2, Б) межпопуляционное разнообразие Y хромосомы в 4 раза выше, чем по мтДНК (размах из-

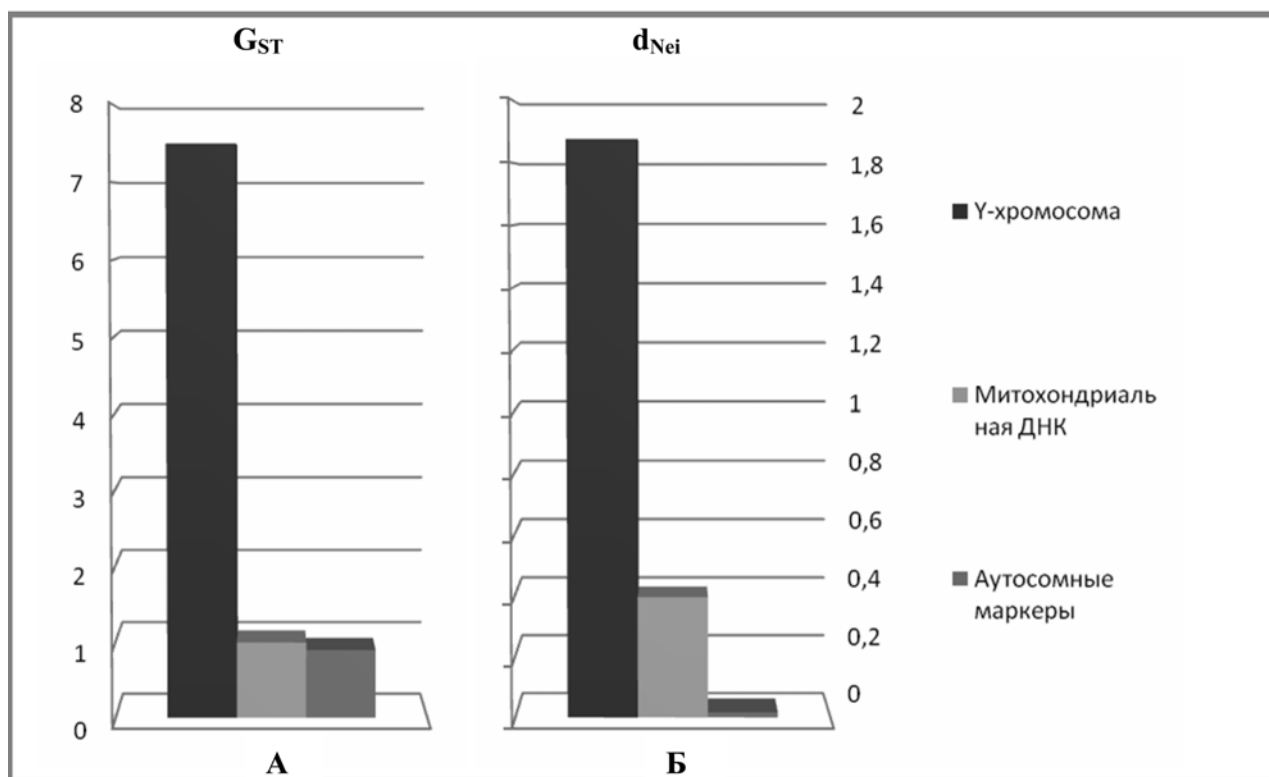


Рис. 2. Различия в оценках межпопуляционного разнообразия по трем системам генетических маркеров: максимальные по гаплогруппам Y хромосомы, низкие по митохондриальной ДНК и минимальные по ауtosомным ДНК маркерам.

А – для восточнославянских популяций (межпопуляционное разнообразие  $G_{ST}$ )

Б – для коренных народов Кавказа (генетические расстояния  $d_{Nei}$ )



менчивости которой на Кавказе повышен за счет народов Дагестана, сочетающих, благодаря кровнородственным бракам, патри- и матриликальные традиции) и на 2 порядка больше, чем по аутосомным ДНК маркерам [Дибирова, 2011; Почешхова, 2008]. Кроме того, нерекombинирующая часть Y хромосомы позволяет выделять много более дробные гаплогруппы, чем обычно анализируемая небольшая часть (ГВС1) митохондриальной ДНК. Для интерпретации результатов данной статьи важно, что столь высокая дифференциация популяций при детальном анализе Y хромосомы, как правило, позволяет улавливать более поздние события этногенеза и общности, сформировавшиеся на более поздних этапах, в то время как мтДНК отражает более древние общности. Это различие важно учитывать при сравнении результатов, полученных по «однородительским» генетическим системам, а также по аутосомным ДНК маркерам.

Четвертая система признаков – фамилии – может быть использована только для сравнения в пределах русского этноса, где уже неоднократно показана ее эффективность для исследования структуры генофонда [Чурносков и др., 2004; Сорокина и др., 2007; Балановский, Балановская, 2007]. В данной работе использована информация об 1.9 млн представителей 68 районов 14 областей России (табл. 1). После отсева редких фамилий (являющихся обычно следствием миграции из других районов и областей), в анализ было включено 1.6 млн человек, в том числе 57 тыс. человек из пяти районов Архангельской области. Частоты фамилий анализировались методами многомерной статистики как аналоги множественных аллелей одного локуса.

В табл. 1 приведена информация, использованная для анализа в программе Statistica 6.0 с помощью кластерного анализа (метод Уорда) и многомерного шкалирования. Расчет генетических расстояний между популяциями (d) проводился согласно М. Нея [Nei, 1975] с помощью оригинальной программы DJ ([www.genofond.ru; Balanovsky et al., 2008]). При этом число выборок, изученных по всем 6 гаплогруппам Y хромосомы оказалось крайне мало (табл. 2). Поэтому для создания карт генетических расстояний использован картографический синтез: сначала карты расстояний строились по всем популяциям Европы, изученным по данной гаплогруппе, а затем, используя карту как числовую матрицу, находили среднее значение для каждой точки карты и по совокупности этих значений строили карту средних генетических расстояний. Такая карта демонстрирует, насколько каждая ее точка генетически близка к средним параметрам популяций Русского Севера (Архан-

гельской области): зеленые тона отражают наибольшее генетическое сходство (минимальные генетические расстояния до генофонда Русского Севера), красные тона – максимальные генетические расстояния до генофонда Русского Севера. На карте распространения СПИД-протекторной делеции CCR5del32, представляющей аутосомные ДНК маркеры, шкала читается иначе: она отражает диапазон частот от минимальных (зеленые тона) до максимальных (красные тона) частот. Карты созданы в оригинальном картографическом пакете GeneGeo, разрабатываемом в сотрудничестве ЛПГЧ (рук. О.П. Балановский) и кафедры картографии МГУ (С.М. Кошель).

## Результаты и обсуждение

Каждая из четырех анализируемых систем – ДНК полиморфизма и фамилий – отражает те или иные особенности микроэволюции популяций. Поэтому далее каждая система рассматривается отдельно, причем берется лишь один ракурс: отражения в ней путей формирования генофонда Русского Севера.

### 1. ФАМИЛИИ

Согласно поколенной росписи рода Ломоносовых [Шумилов, 2001] их Холмогорская (точнее – Куростровская, поскольку Михаил Васильевич родился не в Холмогорах, а в Курострове) ветвь утратила «в мужском колене в 1765 году после смерти в Петербурге самого Великого Помора ... и в женском – в 1807 году в связи со смертью в матигорской деревне Хетке сестры ученого Марии Васильевны Головиной» [Шумилов, 2001. С. 3]. Поэтому возможность исследовать генофонд его прямых потомков практически утрачена, однако есть возможность изучить генофонд его земляков.

О том, что потомки Ломоносовых и ныне населяют Архангельскую область, свидетельствует анализ современного распространения фамилий наиболее близких родственников, упоминаемых в поколенной росписи Куростровской ветви Ломоносовых [Шумилов, 2001]. Даже если ограничиться 40 фамилиями<sup>1</sup> наиболее близких родственников,

<sup>1</sup> В список 40 фамилий рода Ломоносовых мы включили и 8 производных фамилий (отмеченных в таблице как \*), поскольку запись произношения фамилий легко меняется во времени. Например, «грамоте Ломоносова обучил Иван Афанасьевич Шубный, отец скульптора Федота Шубина» [Шумилов, 2001. С. 7].

то можно видеть (табл. 3), что за прошедшие три века из них утеряны лишь три фамилии (Боковой, Быков, Галов) и еще две фамилии (Дьяконов, Засухин) нами не зарегистрированы в Холмогорском районе, но встречены в Красноборском районе Архангельской области. При этом из 1700 носителей этих 40 фамилий, зарегистрированных нами в Архангельской области, почти 1200 и ныне проживают в Холмогорском районе, а в других районах их на порядок меньше: в Красноборском районе 220 носителей 13 фамилий, в Каргопольском – 160 носителей 11 фамилий, в Лешуконском – 83 носителя 9 фамилий, в Пинежском – 60 носителей 3 фамилий рода Ломоносовых (табл. 2). Мы почтили память также тех четверых земляков М.В. Ломоносова, фамилии которых мы встретили среди тех, кто сыграл важную роль в его образовании и судьбе – все их потомки и ныне проживают в Архангельской области, причем в основном в Холмогорском районе (табл. 3). Данные табл. 3 позволяют нам надеяться, что наше исследование генофонда современного населения Архангельской области имеет прямое отношение к М.В. Ломоносову.

Степень различий пяти изученных районов Архангельской области (табл. 4, рис. 3) друг от друга и от основных регионов русского народа оценивалась не по отдельным фамилиям, а по совокупности частот всех фамилий, полученных на основе тотальных списков населения (табл. 1). Три района – Холмогорский, Каргопольский и Красноборский – в среднем удалены от севернорусских районов на одинаковое расстояние ( $1.1 < d < 1.2$ ), в то время как районы, находящиеся в пограничье русского ареала, коми и ненцев (Лешуконского в северном пограничье и Пинежского в восточном пограничье), и по составу фамилий находятся на периферии: они в среднем находятся от севернорусских районов в два раза дальше ( $2.2 < d < 2.4$ ), чем остальные три района (табл. 4). Та же тенденция прослеживается при рассмотрении средних расстояний от районов Архангельской области до регионов России (нижняя часть табл. 4): Холмогорский, Каргопольский и Красноборский районы ближе к остальным русским популяциям ( $1.1 < d < 1.4$ ), чем Лешуконский и Пинежский ( $1.6 < d < 2.0$ ). Эти соотношения хорошо иллюстрируются графиком многомерного шкалирования: разнообразие фонда фамилий Русского Севера задается в основном двумя районами, находящимися на периферии русского ареала – Пинежским и Лешуконским (рис. 3). При этом своеобразие фамилий севернорусских популяций четко выражено, но не максимально (рис. 3, табл. 4): средние отличия фамилий Северного региона от остальных

регионов такие же ( $d=1.2$ ), как и отличия фамилий Восточного региона ( $d=1.1$ ), и намного меньше, чем отличия фамилий кубанских казаков (Кавказский регион,  $d=1.6$ ). Детальное сравнение с региональными генофондами показывает, что близость районов Архангельской области по составу фамилий во многом соответствует их географической близости к тем или иным регионам России (табл. 4).

При переходе к рассмотрению не крупных регионов, а всех изученных административных районов, выявляется довольно четкая структура русского генофонда: практически все русские популяции, взятые по районам, кластеризуются в региональные группы (рис. 4). При этом график многомерного шкалирования данных по районам (рис. 5) демонстрирует, что по распределению фамилий население Русского Севера (включая и Холмогоры) целиком принадлежит к общему массиву популяций, представляющих исконный ареал русского народа.

Таким образом, детальный анализ русского генофонда по данным о фамилиях позволяет утверждать, что в целом генофонд Русского Севера является неотъемлемой составной частью русского генофонда: он не выходит за рамки отличий, характерных для региональных и районных популяций.

## 2. АУТОСОМНЫЕ ДНК МАРКЕРЫ

Большинство русских популяций исследовано, к сожалению, по разным панелям аутосомных ДНК маркеров [Лимборская и др., 2002; Балановская, Балановский, 2007], что затрудняет анализ структуры русского генофонда. Наиболее широкое панорамное исследование, охватывающее весь исторический ареал русского народа и включающее три популяции Архангельской области (табл. 1), проведено по панели Alu-инсерций (ACE, APOA1, B65, PV92, TRA25) [Соловьева и др., 2010]. При этом обнаружено, что по панели аутосомных ДНК маркеров русский генофонд слабо дифференцирован. Несмотря на то, что русские популяции охватывают значительно более обширный ареал (расстояние между наиболее удаленными изученными популяциями 2220 км), чем, например, башкиры (расстояние между наиболее удаленными изученными популяциями 500 км), в генетическом пространстве графика многомерного шкалирования относительно гомогенные русские популяции занимают меньшую область, чем гетерогенные башкиры [Соловьева и др., 2010]. По

Таблица 3. Частоты фамилий ближайших родственников М.В. Ломоносова в пяти районах Архангельской области

Фамилия	АРХАНГЕЛЬСКАЯ обл.	Районы Архангельской области				
		ХОЛМОГОРСКИЙ	КАРГОПОЛЬСКИЙ	КРАСНОБОРСКИЙ	ЛЕШУКОНСКИЙ	ПИНЕЖСКИЙ
<b>Родственники:</b>						
АВКСЕНТЬЕВ	15	15	–	–	–	–
АНТОНОВ	79	27	10	18	24	–
АРХИПОВ	30	13	9	–	8	–
БАТРАКОВ	72	70	–	2	–	–
БЕРДЕННИКОВ	76	75	–	1	–	–
БОКОВОЙ	–	–	–	–	–	–
БЫКОВ	–	–	–	–	–	–
ГАЛОВ	–	–	–	–	–	–
ГОЛОВИН	49	32	5	11	1	–
ГОРШКОВ	37	28	1	8	–	–
ДОРОНИН	75	73	–	–	2	–
ДЬЯКОНОВ	5	–	–	5	–	–
ЕРШОВ	113	32	29	24	–	28
ЗАСУХИН	7	–	–	7	–	–
КОРЕЛЬСКИЙ	247	246	–	–	1	–
ЛОПАТИН	21	12	8	1	–	–
ЛОПАТКИН*	21	21	–	–	–	–
МЫШЕВ	9	9	–	–	–	–
МЫШОВ*	52	52	–	–	–	–
ОЛОХОВ	0	–	–	–	–	–
ОЛЕХОВ*	5	5	–	–	–	–
ОЛЕШКОВ*	1	1	–	–	–	–
ПАЛЬЯНОВ	1	1	–	–	–	–
ПЕКИШЕВ	30	30	–	–	–	–
ПРОКОПЬЕВ	22	22	–	–	–	–
САМОЙЛОВ	35	29	6	–	–	–
СИВКОВ	115	36	26	51	2	–
СОБИНИН	80	63	–	–	–	17
СПИРИДОНОВ	75	34	5	36	–	–
ТАРХОВ	2	2	–	–	–	–
ТИТОВ	163	60	–	51	37	15
ТРЕТЬЯКОВ	120	52	57	9	2	–
УЗКИЙ	42	42	–	–	–	–
ШАЛОПАНОВ	2	2	–	–	–	–
ШУБНОЙ	–	–	–	–	–	–
ШУБИН*	25	17	2	–	6	–
ШУБНЫЙ*	66	66	–	–	–	–
ЩЕГЛЕВ	9	9	–	–	–	–
ЩЕГЛОВ*	4	4	–	–	–	–
ЩЕГОЛЕВ*	4	4	–	–	–	–
<b>N суммарно</b>	<b>1709</b>	<b>1184</b>	<b>158</b>	<b>224</b>	<b>83</b>	<b>60</b>

Примечание. \* производные фамилии

Продолжение таблицы 3

Фамилия	АРХАНГЕЛЬСКАЯ обл.	Районы Архангельской области				
		ХОЛМОГОРСКИЙ	КАРГОПОЛЬСКИЙ	КРАСНОБОРСКИЙ	ЛЕШУКОНСКИЙ	ПИНЕЖСКИЙ
<b>Земляки:</b>						
<b>ДУДИН</b>	1	1	–	–	–	–
<b>ИКОННИКОВ</b>	7	7	–	–	–	–
<b>САБЕЛЬНИКОВ</b>	14	14	–	–	–	–
<b>СТАРОПОПОВ</b>	2	–	–	–	2	–

Alu-маркерам различия между десятью региональными русскими популяциями русскими популяциями различных регионов составляют лишь  $d=0.007$ , тогда как по другим генетическим системам изменчивость выше: по классическим генным маркерам  $d=0.013$ , по митохондриальной ДНК  $d=0.033$ , по Y хромосоме  $d=0.142$ .

При этом по разным Alu-инсерциям русские популяции проявляют сходство то со своими западными соседями (народы Западной Европы), то с восточными соседями (народы Уральского региона). Однако по совокупности всех пяти маркеров при межэтнических сравнениях обнаружена четкая картина: изученные народы Восточной Европы образуют три кластера (восточнославянский, кавказский и южно-уральский) в соответствии с их историко-географическим положением, причем популяции Архангельской области расположены компактно в пределах кластера русских популяций.

Таким образом, как и по фонду фамилий, так и по панели аутомомных ДНК маркеров генофонд Русского Севера является «равноправной» составной частью русского генофонда: он не выходит за рамки отличий, характерных для общего массива русских популяций, а его гетерогенность на порядок меньше, чем гетерогенность, например, башкирских популяций, занимающих значительно меньший ареал.

Однако по одному из наиболее изученных аутомомных ДНК маркеров – СПИД-протекторной делеции CCR5del32 (табл. 1) – ярко выявляется своеобразие северных русских популяций. Поэтому рассмотрим его особо. На карте (рис. 6) видна четкая закономерность: частота максимальна на севере Европы (на побережьях Балтийского и Белого морей), и во всех направлениях от этой зоны частота плавно снижается. Такой элегантно, четкий и простой пространственный тренд крайне редок для аутомомных маркеров. Тем удивительнее, что распределение мутации в русском ареале носит довольно сложный характер. Наибольшие частоты отмечены на Русском Севере –

во всех трех изученных популяциях Архангельской области. Именно они формируют беломорскую часть беломоро-балтийского максимума, выявившегося при анализе генофонда Евразии. К югу и западу русского ареала частота снижается. Изменчивость частоты CCR5del32 в русских популяциях столь велика, что заметна даже в глобальном масштабе [Balanovsky et al., 2005]

Однако, хотя генетически эффективный размер популяции Архангельской области невелик, необычно высокие частоты нельзя объяснить лишь генетическим дрейфом: ведь все три Архангельские популяции, причем географически и генетически изолированные друг от друга, отклонились от среднерусской частоты ( $p=0.112$  с учетом Архангельских популяций, без их учета  $p=0.099$ ) в сторону увеличения частоты делеции, причем все три – на значительную величину (Пинежский район  $p=0.155$ , Лешуконский район  $p=0.179$ , Красноборский район  $p=0.185$ ), тогда как действие дрейфа предполагает случайное по направлению и силе отклонение.

Поэтому можно утверждать, что наблюдаемое распределение (рис. 6) указывает на существование мощного общего генетического пласта в населении Русского Севера и народов Северной, Центральной и Восточной Европы

Причем эту генетическую общность никак нельзя назвать финно-угорской, так как она включает европейские народы самых разных ветвей трех лингвистических семей – индоевропейской, уральской и алтайской. С частотой более 10% делеция CCR5del32 встречается у следующих народов (перечисленных в пределах языковой ветви по убыванию частоты делеции): германской ветви (исландцы, шведы, фламандцы, датчане, англичане, немцы, норвежцы); славянской (русские, поляки, белорусы, словаки, украинцы, чехи); финской (эстонцы, мордва, финны, удмурты), угорской (венгры); балтской (литовцы); романской (французы) и даже тюркской (татары). Как видим, по числу народов с высокой частотой делеции финноязычные народы уступают германоязычным и славянским.

**Таблица 4. Генетические расстояния между районами Русского Севера и основными регионами русского ареала по данным о распределении частот фамилий**

ПОПУЛЯЦИИ	РАЙОНЫ АРХАНГЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТИ					РЕГИОН
	Каргопольский	Пинежский	Красноборский	Лешуконский	Холмогорский	
<b>РАЙОНЫ</b>						
Каргопольский	0.00	2.05	0.11	1.67	0.87	0.49
Пинежский	2.05	0.00	2.37	3.29	2.12	0.29
Красноборский	0.11	2.37	0.00	2.02	1.10	0.59
Лешуконский	1.67	3.29	2.02	0.00	1.63	0.71
Холмогорский	0.87	2.12	1.10	1.63	0.00	0.75
<b>РЕГИОНЫ</b>						
<b>Северный</b>	0.49	0.29	0.59	0.71	0.75	0.00
Сибирский	0.79	2.04	1.06	1.39	0.75	0.87
Западный	1.09	1.92	1.37	1.42	0.93	0.99
Северо-западный	1.06	2.18	1.33	1.38	0.84	1.01
Центральный	1.00	2.00	1.25	1.66	0.88	1.02
Юго-западный	0.99	2.21	1.24	1.59	1.05	1.08
Восточный	1.37	2.77	1.57	2.33	1.37	1.54
Кавказский	2.02	2.40	2.41	2.33	1.90	1.79
Средняя по 8 регионам	<b>1.10</b>	<b>1.98</b>	<b>1.35</b>	<b>1.60</b>	<b>1.06</b>	<b>1.04</b>

Примечание. Расположены по степени возрастания генетических расстояний от Северного региона

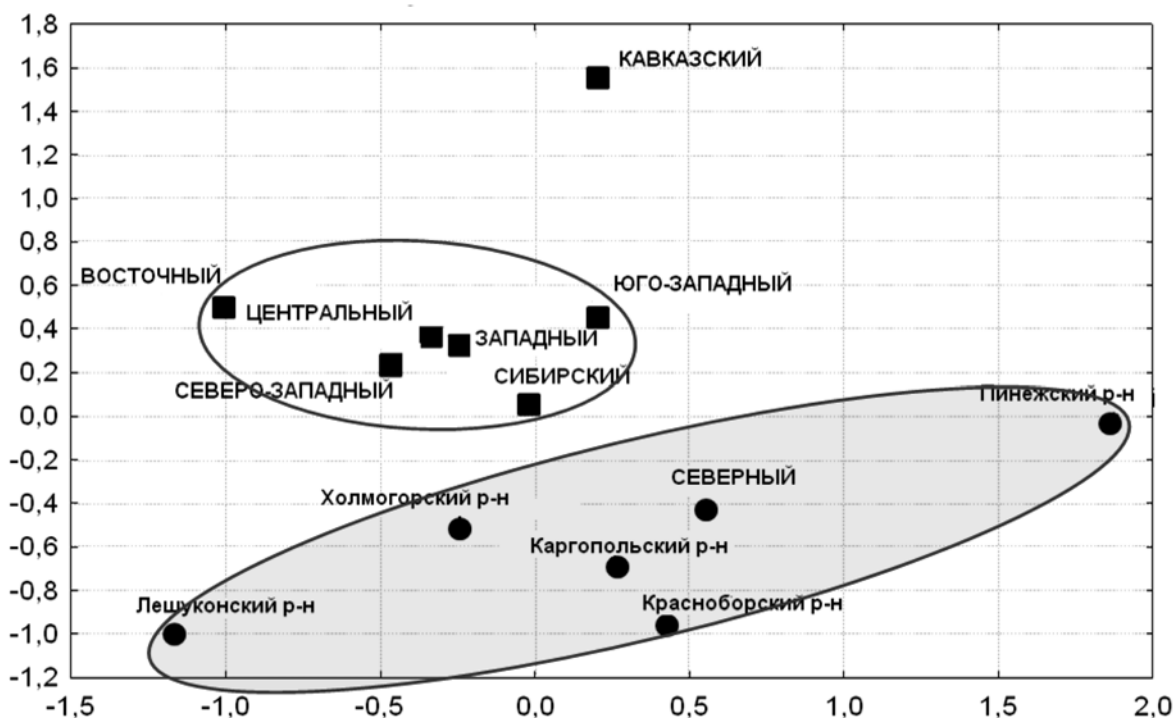


Рис. 3. Взаимосвязь генофондов русских популяций пяти районов Архангельской области и основных регионов исторического русского ареала по данным о распределении частот фамилий

Примечание. График многомерного шкалирования, показатели стресса = 0.17, алиенации = 0.21

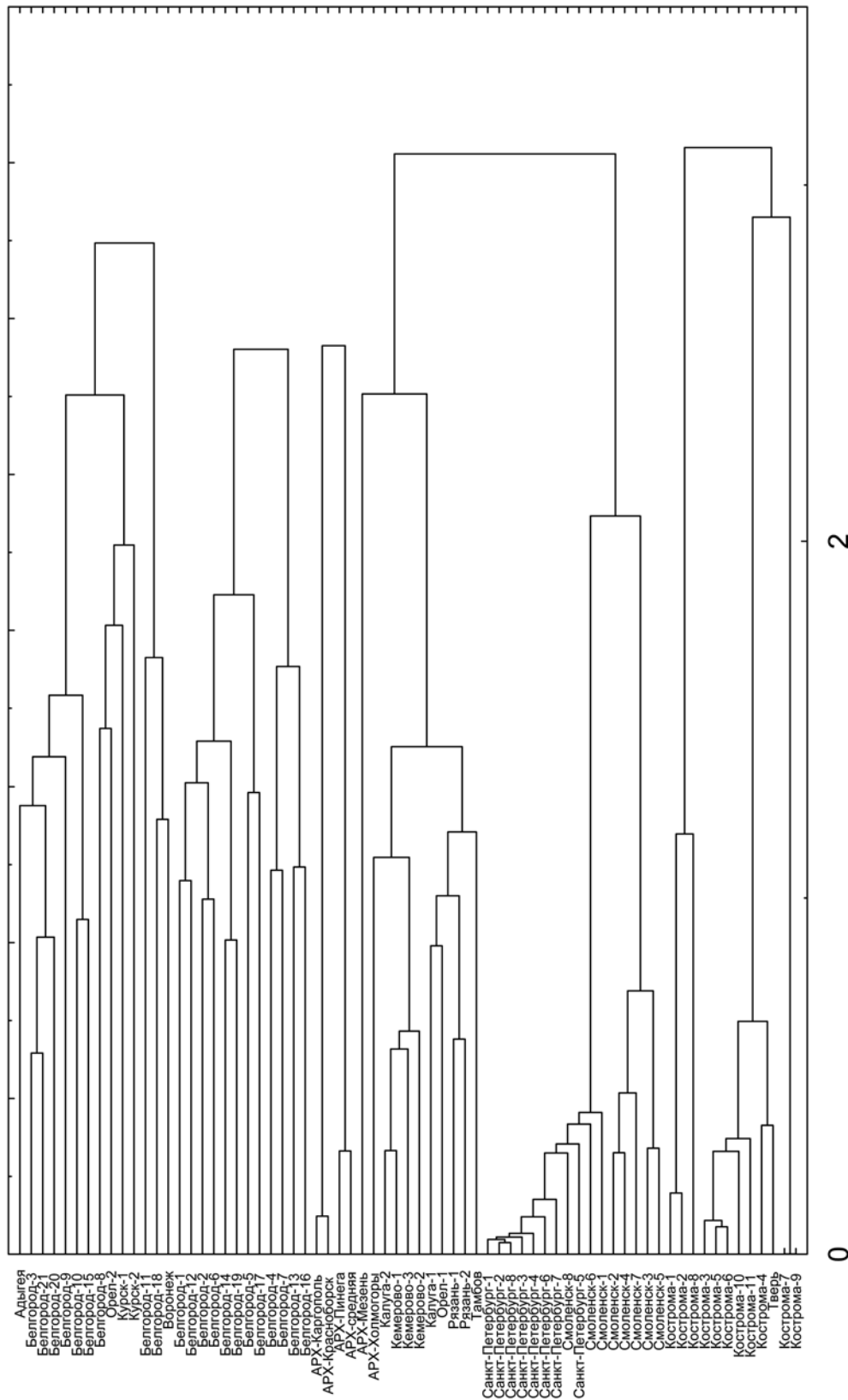


Рис. 4. Взаимное расположение русских популяций 68-ми районов 14-ти областей России по данным о распределении частот фамилий  
Обозначения: цифрами обозначены различные районы области, центром которой является указанный город

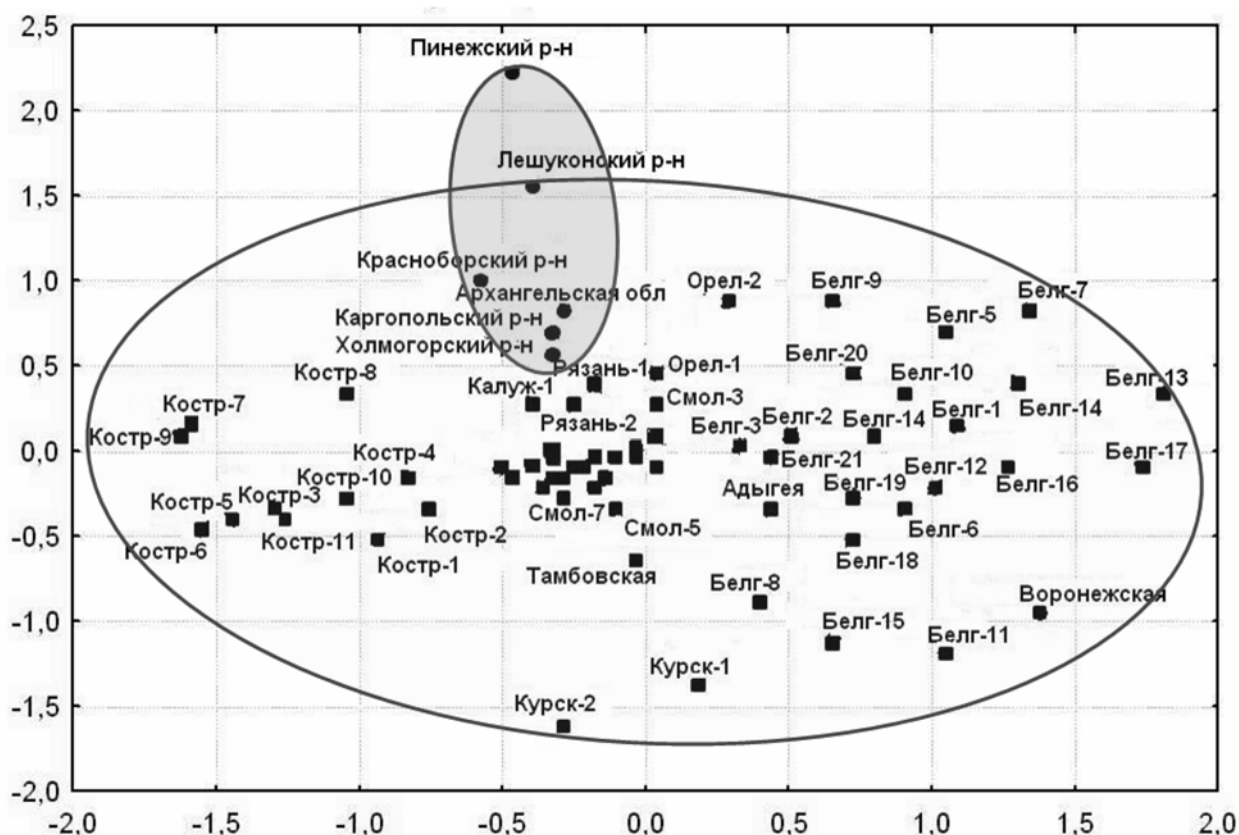


Рис. 5. Взаимное расположение на графике многомерного шкалирования генофондов 68 районов 14 областей по данным о распределении частот фамилий (стресс = 0.22, алиенация = 0.23)

Обозначения. В названии районов указано сокращенное название области и условный номер района (напр. Костр-11 обозначает район № 11 Костромской области). Для ряда районов в центре графика названия привести не удалось из-за большого сходства фамильного состава районов. Названия районов Архангельской области приведены полностью и выделены на графике овалом

В целом, область регулярно встречаемых высоких частот CCR5del32, выделенная на карте овалом (рис. 6), указывает на общность генофонда населения северной части Европы (в широком географическом смысле этого термина), к которому полностью принадлежат и популяции Архангельской области.

### 3. МИТОХОНДРИАЛЬНАЯ ДНК

Аналогичную картину (рис. 7, 8, 9) – принадлежности генофонда Русского Севера к кругу популяций Северной и Центральной Европы – мы обнаруживаем и по гаплогруппам митохондриальной ДНК (мтДНК), передающихся только по материнской линии наследования. Популяции Архангельской области представлены по этой системе

генетических маркеров тремя популяциями – Пинежского района (восточная окраина области на границе с республикой Коми), Каргопольского района (запад области у истоков Онеги) и суммарной группы поморов (север области). Размах различий по мтДНК между этими тремя северо-русскими популяциями чрезвычайно велик (узкий овал на рис. 7): генетическое расстояние между западом и востоком Архангельской области  $d=0.025$ ; между западом и поморами  $d=0.028$ , между востоком и поморами в два раза выше  $d=0.049$  (табл. 5). Однако при этом все три популяции Русского Севера принадлежат большому «облаку» европейских популяций (широкий овал на рис. 7), за пределами которого остаются все изученные финноязычные популяции – финны, карелы, мордва, коми, марийцы. Исключение со-

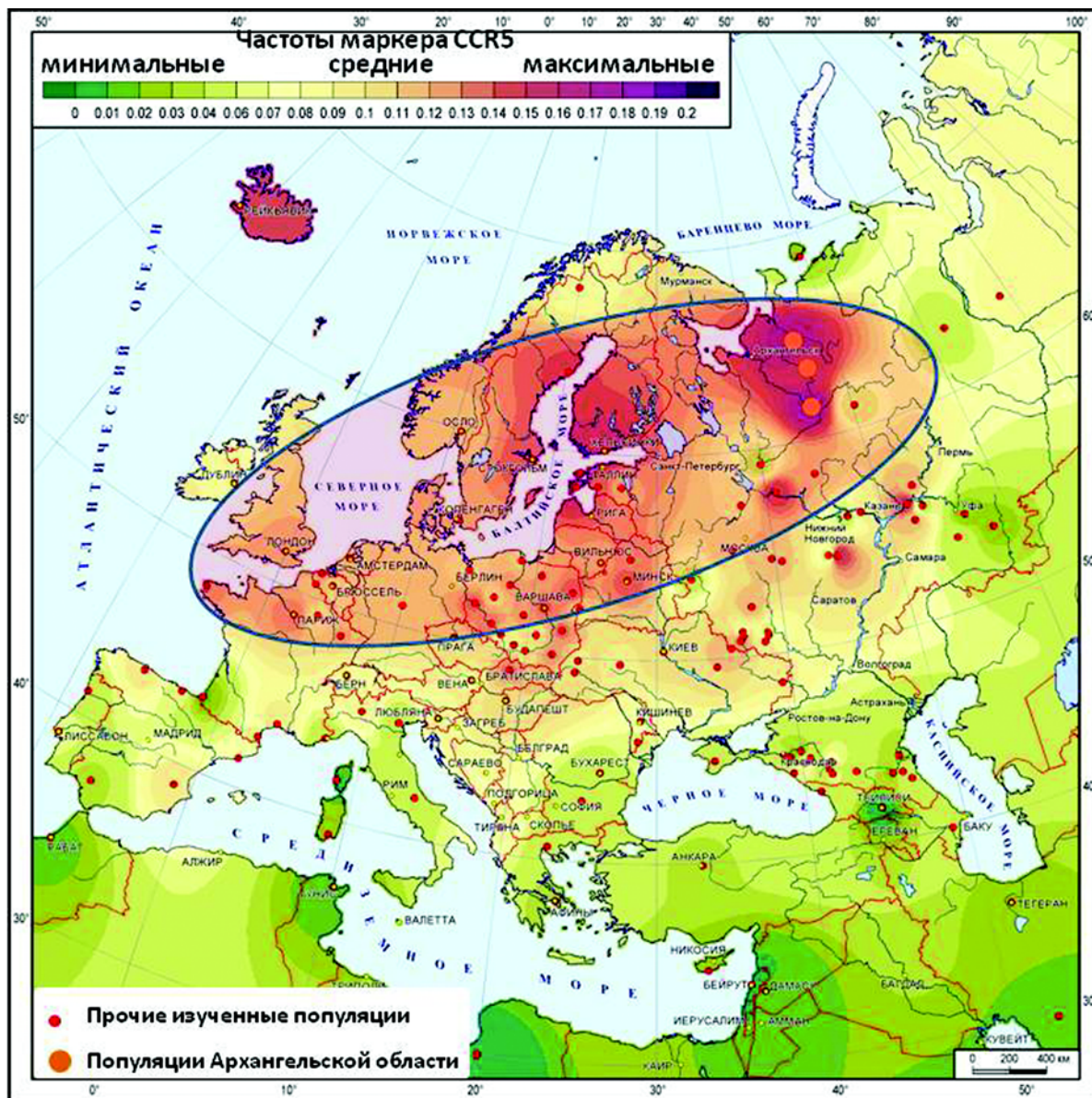


Рис. 6. Карта распространения частоты СПИД-протекторной мутации del32 в аутосомном гене CCR5 (область наиболее высоких частот выделена овалом)

ставляют лишь эстонцы, которые вместе с соседними балтскими народами – латышами и литовцами – входят в «облако» европейских популяций (рис. 7).

Относительная близость популяции поморов к генофонду коми и мари является артефактом – побочным эффектом многомерного шкалирования, так как генетические расстояния до них от поморов велики (табл. 5): до коми  $d=0.069$ , до мордвы  $d=0.093$ . При этом генетические расстояния, например, от поморов до народов Прибалтики меньше, чем между самими северно-русскими популяциями: до литовцев  $d=0.039$ , до эстонцев

$d=0.041$ , до латышей  $d=0.048$ . В таблице 5 народы Европы и русские популяции расположены по возрастанию генетических расстояний от средних частот гаплогрупп, характерных для Русского Севера (последний столбец табл. 5). Мы видим, что наиболее близкими оказались генофонды норвежцев и немцев. До остальных популяций Европы генетические расстояния равномерно возрастают от интервала  $0.013 < d < 0.044$ , а затем следует скачок расстояний до финноязычных популяций  $0.057 < d < 0.082$ .

Взаимное расположение популяций (рис. 7) уточняет дендрограмма (рис. 8), указывающая на



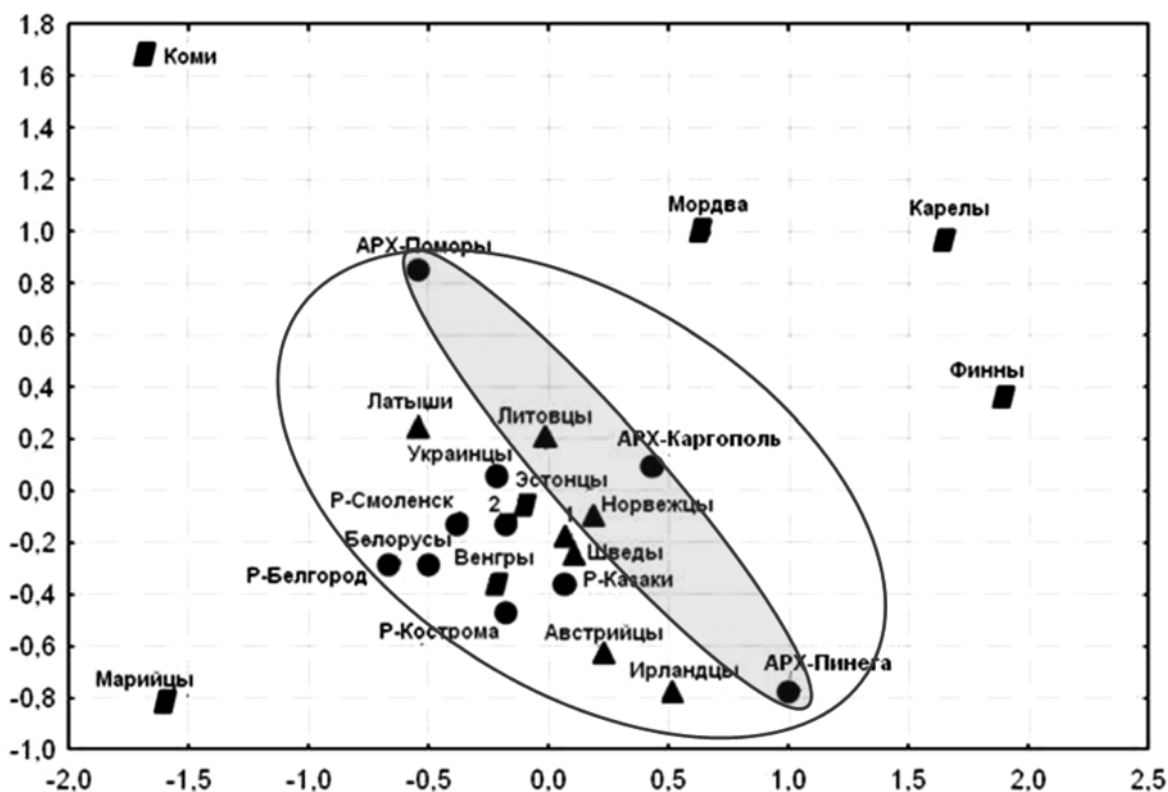


Рис. 7. Взаимное расположение на графике многомерного шкалирования генофондов народов Европы по данным о гаплогруппах митохондриальной ДНК (стресс = 0.17, алиенация = 0.20)

Обозначения. Кружками обозначены славянские популяции, ромбами – финно-угорские, треугольниками – все остальные популяции Европы. Цифрой 1 на графике обозначена популяция немцев, цифрой 2 – чехов

возможность выделения двух близких кластеров европейских генофондов и резко отличающихся генофондов финноязычных популяций. В кластер вместе со всеми тремя популяциями Русского Севера, помимо норвежцев и немцев, вошли другие германоязычные народы (австрийцы, швейцарцы, шотландцы) и ирландцы, славяне (поляки, словенцы и боснийцы), а также балты (литовцы). Второй европейский кластер включил в основном славянские популяции – все остальные русские популяции, белорусов, украинцев, чехов, словаков, а также венгров, эстонцев, латышей и шведов. Таким образом, митохондриальный генофонд Русского Севера тяготеет в большей степени к Западной и Центральной Европе, а остальные русские популяции – к генофондам Восточной Европы. Но еще более важен иной вывод: все финноязычные популяции (за исключением эстонцев) находятся в иных кластерах, чем популяции Русского Севера, причем и западные (финны, карелы) и восточные (коми, марийцы, мордва) финноязычные народы максимально удалены от Русского Севера.

Таким образом, изучение митохондриального генофонда свидетельствует против распространенного мнения, что генофонд Русского Севера представляет собой финно-угорский субстрат с тонкой амальгамой славянских влияний. Напротив, по материнским линиям наследования мы вновь видим, как и по аутосомным маркерам, сходство с генофондом северной половины Европы, в том числе с географически далекими популяциями Западной и Центральной Европы.

Эти выводы полностью подтверждаются картой генетических расстояний от генофонда Русского Севера (реперные популяции Архангельской области обозначены крупными оранжевыми кружками), позволяющей включить в анализ многобольшой массив популяций (рис. 9). Минимальные расстояния от генофонда Русского Севера обозначены интенсивно зелеными тонами, указывающими на популяции, генетически наиболее сходные с Русским Севером. Максимальные расстояния от генофонда Русского Севера обозначены интенсивно красными тонами, указывающими на популяции, генофонды которых наиболее

**Таблица 5. Генетические расстояния между популяциями Архангельской области (АРХ) и народами Европы по данным о частотах гаплогрупп митохондриальной ДНК**

	АРХ-запад	АРХ-восток	АРХ-север	Русский Север
<b>Русский Север (в среднем)</b>	0.006	0.013	0.014	0.000
<b>АРХ-запад (Каргополь)</b>	0.000	0.024	0.027	0.006
<b>АРХ-восток (Пинега)</b>	0.024	0.000	0.049	0.013
Норвежцы	0.010	0.026	0.037	0.013
Немцы	0.012	0.030	0.033	0.014
<b>АРХ-север (поморы)</b>	0.027	0.049	0.000	0.014
Поляки	0.011	0.037	0.028	0.014
Словенцы	0.011	0.040	0.036	0.018
Швейцарцы	0.015	0.037	0.035	0.018
Словаки	0.019	0.037	0.032	0.018
Боснийцы	0.016	0.036	0.039	0.019
Шведы	0.019	0.029	0.044	0.019
Русские (казаки)	0.029	0.034	0.031	0.020
Литовцы	0.013	0.046	0.038	0.021
Австрийцы	0.026	0.029	0.043	0.022
Чехи	0.027	0.046	0.027	0.022
Венгры	0.024	0.042	0.033	0.022
Украинцы	0.020	0.054	0.035	0.025
Эстонцы	0.024	0.049	0.041	0.027
Русские (Кострома)	0.029	0.050	0.038	0.028
Русские (Смоленск)	0.033	0.050	0.034	0.028
Ирландцы	0.023	0.034	0.066	0.030
Шотландцы	0.032	0.041	0.059	0.033
Белорусы	0.040	0.059	0.055	0.040
Латыши	0.037	0.075	0.048	0.042
Русские (Белгород)	0.040	0.074	0.052	0.044
<b>Карелы</b>	<b>0.047</b>	<b>0.058</b>	<b>0.099</b>	<b>0.057</b>
<b>Мордва</b>	<b>0.047</b>	<b>0.085</b>	<b>0.093</b>	<b>0.064</b>
<b>Финны</b>	<b>0.056</b>	<b>0.087</b>	<b>0.122</b>	<b>0.077</b>
<b>Коми</b>	<b>0.086</b>	<b>0.113</b>	<b>0.069</b>	<b>0.078</b>
<b>Марийцы</b>	<b>0.063</b>	<b>0.118</b>	<b>0.098</b>	<b>0.082</b>

Примечание. Популяции расположены по степени возрастания генетических расстояний от региона Русского Севера

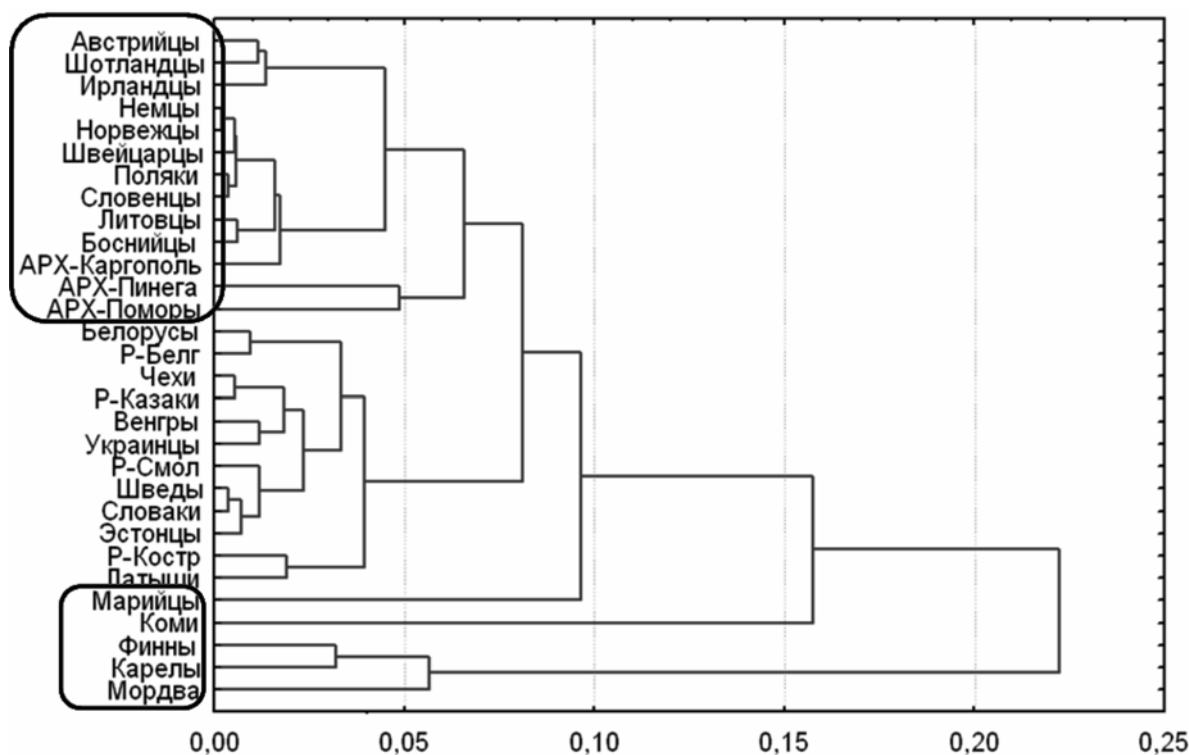


Рис. 8. Взаимное расположение на дендрогрмме генофондов народов Европы по данным о частотах гаплогрупп митохондриальной ДНК

Обозначения. Популяции Русского Севера начинаются с обозначения «APX» (Архангельская область), остальные русские популяции – с обозначения «P»

отличаются от Русского Севера. Полностью шкала генетических расстояний со всеми значениями тридцати интервалов приведена в верхнем левом углу карты.

Мы видим, что область регулярно встречаемых минимальных генетических расстояний от Русского Севера охватывает страны Центральной и Западной Европы – побережье Северного моря, южную часть Балтики, Центральную Европу и даже узким языком доходит до Балкан. Популяции этого ареала оказываются генетически более близкими к Русскому Северу, чем популяции Восточной Европы, окрашенные в тона средних генетических расстояний. Приуралье и север Фенноскандии окрашены в красные тона максимальных генетических отличий.

В целом, вся совокупность приведенных результатов по материнским линиям наследования (мтДНК) указывает на существование общего мощного пласта в генофондах популяций Русского Севера и народов Центральной и Западной Европы. При этом как западные, так и восточные финны генетически резко отличаются от севернорусских популяций, что позволяет отрицать их уча-

стие в формировании митохондриального генофонда Русского Севера.

#### 4. Y ХРОМОСОМА

В работе нашего коллектива, посвященной изменчивости русского генофонда в контексте населения Европы [Balanovsky et al., 2008], было показано, что по Y хромосоме основной массив русских популяций образует тесный кластер с популяциями украинцев, белорусов и поляков, в то время как северные русские популяции (Архангельской и Вологодской областей) образуют особый кластер, тянущийся к шведам и финнам.

При этом в пространстве только русского генофонда (по всем встреченным 22 гаплогруппам Y хромосомы) три популяции Архангельской области (Красноборского, Лешуконского и Пинежского районов, рис. 1) образуют единый «северный» кластер с высокой генетической изменчивостью (со средним расстоянием между популяциями  $d=0.126$ , большой овал на рис. 10), в который вошла не только вологодская, но и восточная (ко-

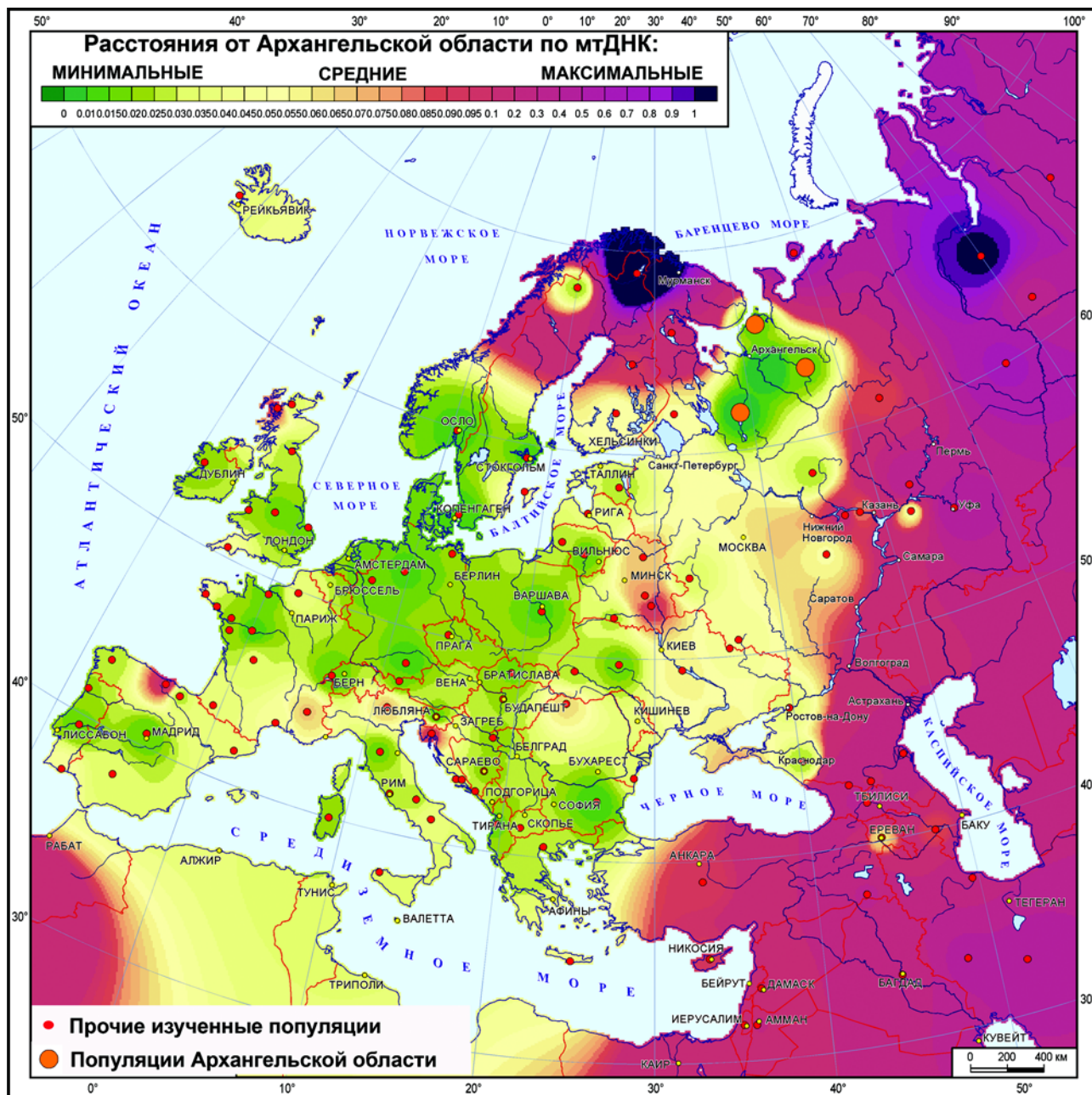


Рис. 9. Карта генетических расстояний от популяций Архангельской области до народов Европы по данным о распределении гаплогрупп митохондриальной ДНК (материнские линии наследования)

Обозначения. Территории, население которых наиболее генетически близко к генофонду Русского Севера, окрашено в зеленые тона; средние генетические расстояния от Русского Севера – в желтые тона; максимальные генетические отличия – в красные тона. Генетически изученные популяции Европы обозначены красными точками, популяции Архангельской области – оранжевыми кружками

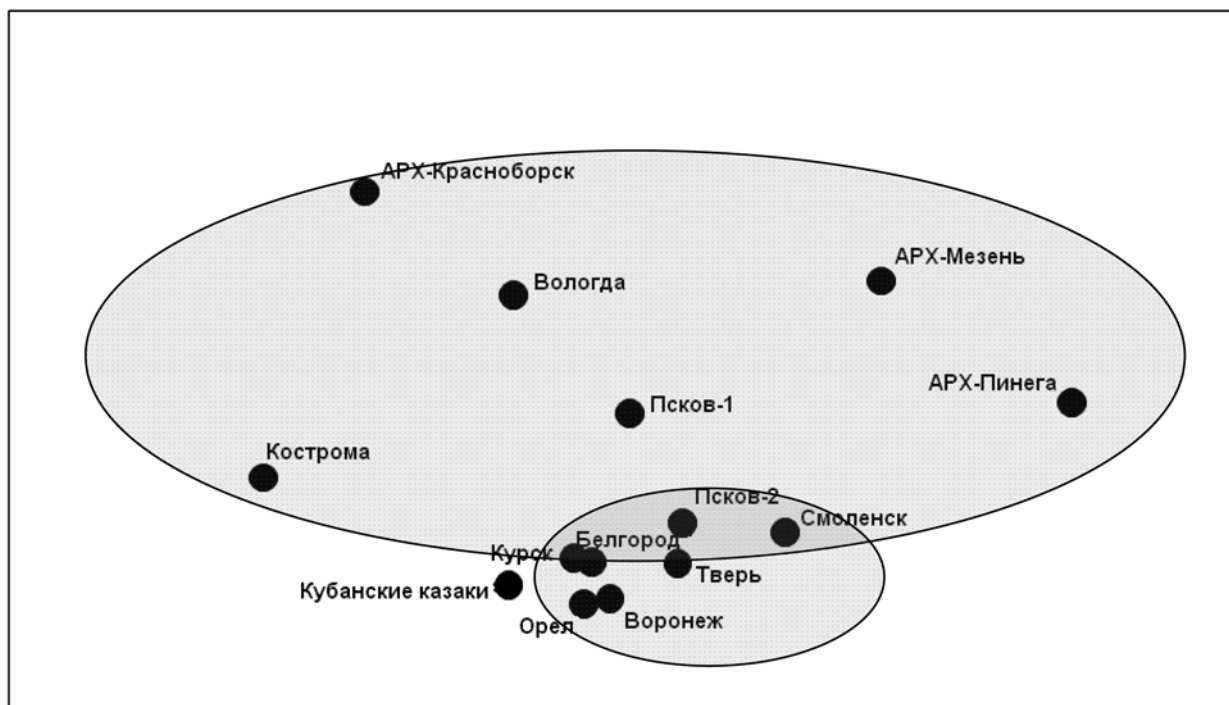


Рис. 10. Взаимное расположение на графике многомерного шкалирования генофондов русских популяций по данным о частотах гаплогрупп Y хромосомы (стресс = 0.04, алиенация = 0.06) (приводится по [Balanovsky et al., 2008])

стромская), и западная (псковская) популяции. Вторая половина изученных русских популяций образовала тесный «основной» кластер почти генетически идентичных популяций (со средним  $d=0.021$ , без псковской популяции  $d=0.017$ , малый овал на рис. 10), хотя географическое расстояние между максимально удаленными популяциями – тверской и кубанскими казаками – больше, чем максимально географически удаленными популяциями «северного» кластера.

Оба кластера перекрываются – за счет популяций Смоленской и Псковской областей, но по большому счету «основной» кластер как бы входит в размах изменчивости «северного» кластера. Таким образом, по Y хромосоме мы не обнаруживаем «разлома» между северным и остальным русским генофондом, но выявляем мощные эффекты дрейфа генов, разбросавшего северные популяции в генетическом пространстве гаплогрупп Y хромосомы (мужских линий наследования) на порядок сильнее, чем остальные русские популяции.

Поэтому для дальнейшего анализа мы отобрали гаплогруппы, наиболее частые на Русском Севере – в изученных нами популяциях Архангельской и Вологодской областей они составляют суммарно почти 95% генофонда (табл. 6). Далее

по отобранным шести гаплогруппам провели сравнительный анализ популяций Русского Севера с населением Европы, чтобы выявить наиболее генетически близкие к ним генофонды (рис. 11, 12, 13).

График многомерного шкалирования (рис. 11) демонстрирует генетическую близость Русского Севера к балтам (латыши и литовцы), к западным финнам (эстонцы и сборная группа карелов, вепсов и ижорцев) и северо-восточным финнам (коми). Остальные русские популяции вместе с украинцами, белорусами, словенцами и венграми образовали на графике второй кластер.

Дендрограмма (рис. 12), позволяющая включить также литературные данные по Архангельской области [Roewer et al., 1995; Mirabal et al., 2009], указывает на возможность разделения «северного» кластера на два субкластера за счет его расширения и включения германоязычных шведов и финнов Карелии и Финляндии.

Карта генетических расстояний (рис. 13) позволила включить в анализ более широкий круг популяций за счет интерполяции на территории, изученные по некоторым из 6 гаплогрупп, но не изученные по другим (см. раздел Материалы и методы). Зеленые тона генетически сходных (по отцовским линиям наследования) популяций охватывают иной ареал, чем мы видели по мтДНК

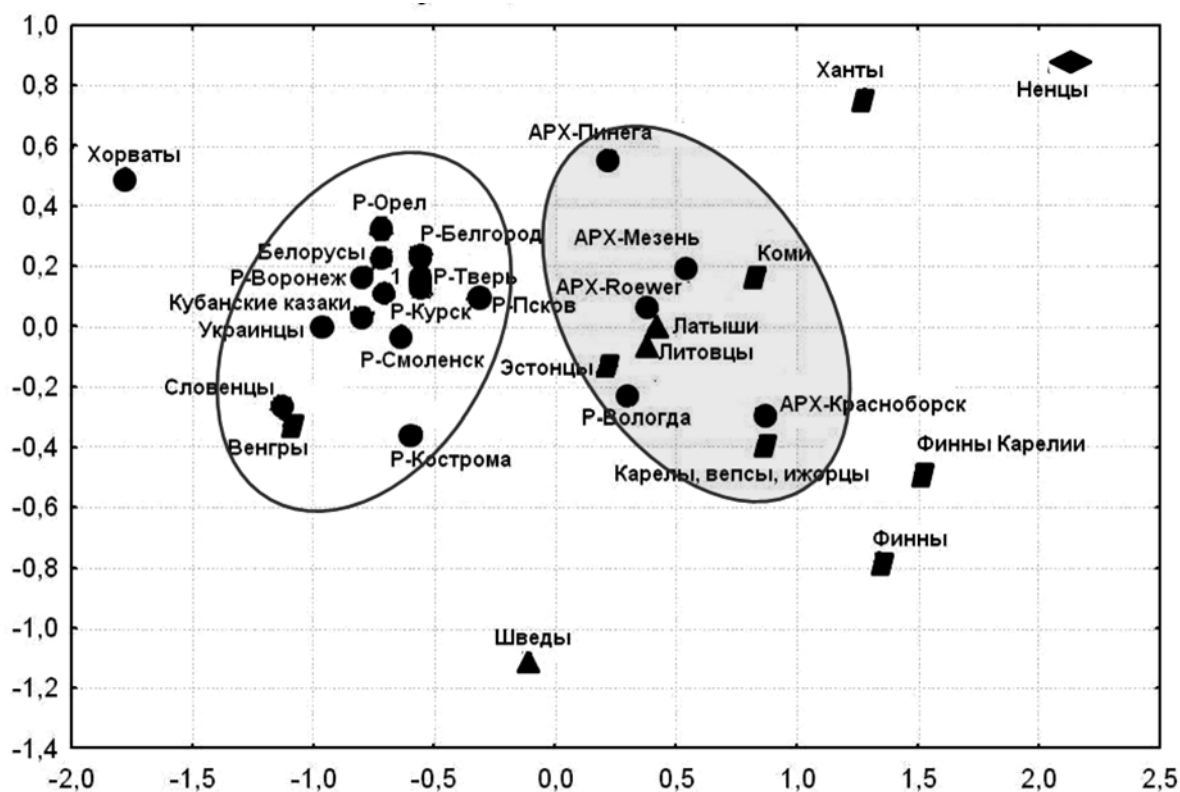


Рис. 11. Взаимное расположение на графике многомерного шкалирования популяционных генофондов Европы по данным о частотах шести гаплогрупп Y хромосомы (I1, I2b1, N1b, N1c, R1a1, R1b1) (стресс = 0.66, алиенация = 0.08)

Обозначения. Цифрой 1 на графике обозначена популяция донских казаков

(материнские линии наследования) и по аутосомным ДНК маркерам (обе линии наследования). Этот ареал теперь наряду с Прибалтикой охватывает также север Фенноскандии и доходит вплоть до Печоры, а также узкой полосой тянется вдоль Приуралья – эта полоса образована популяциями коми, удмуртов и одной из популяций тюркоязычных башкир<sup>2</sup> (рис. 13). Таким образом, генофонд отцовских линий – в отличие от материнских – связан в основном с финно- и балтоязычными народами.

Однако даже этот результат не может свидетельствовать в пользу расхожего мнения «поскреби северного русского и увидишь финна» (т.е. что генофонд Русского Севера представляет собой финно-угорский субстрат с тонкой амальгамой славянских влияний). Во-первых, это мнение должно быть тогда распространено и на балтов (ли-

товцев и латышей), и на германоязычных шведов, и даже на тюркоязычных башкир. Во-вторых, этот результат отражает миграции лишь мужского населения. В-третьих, степень генетического сходства с финноязычными популяциями различна для разных севернорусских популяций.

Например, самая восточная популяция Архангельской области (Пинега) оказывается несколько ближе к географически далеким балтам (до латышей  $d=0.10$ , до литовцев  $d=0.13$ ), чем к своим географическим соседям – коми ( $d=0.14$ )<sup>3</sup>. При этом генетические расстояния до финно-угров в целом намного выше, чем до балтов: до эстонцев  $d=0.14$ , до карелов, вепсов, ижорцев  $d=0.30$ , до венгров  $d=0.46$ , до финнов Карелии  $d=0.63$ , до финнов Финляндии  $d=0.65$ . Среднее генетическое расстояние до финно-угров составляет  $d=0.39$  (включая соседей коми), в то время как среднее

<sup>2</sup> Такая близость с башкирами Стерлибашевского района может быть вызвана дрейфом генов или небольшой выборкой ( $N=52$ ), поскольку остальные башкирские популяции демонстрируют резкие отличия от Русского Севера.

<sup>3</sup> Эта географическая близость столь велика, что жители обследованных нами сел ездят на работу вахтовым методом в Республику Коми, что намного ближе, чем собственный районный центр, до которого и по хорошей дороге добираться целый день.

Таблица 6. Частоты (в %) шести гаплогрупп Y хромосомы, наиболее распространенных на Русском Севере

Популяции	Размер выборки n	ГАПЛОГРУППЫ						% суммарно
		I1	I2b1	N1b	N1c	R1a1	R1b1	
АРХ-Мезень	54	0	0	7.4	46.3	44.4	0	98.1
АРХ-Пинега	114	0.9	4.4	15.8	23.7	39.5	14	98.3
АРХ-Красноборск	91	12.1	9.9	3.3	36.3	19.8	6.6	88.0
Вологодская обл.	121	11.6	8.3	3.3	35.5	33.1	0.8	92.6
В среднем по 4 популяциям	95	6.2	5.7	7.5	35.5	34.2	5.3	94.3
В среднем по 14 русским популяциям	88	5.3	10.7	2.5	19.0	46.7	5.7	89.9

расстояние до других русских популяций почти в два раза меньше ( $d=0.22$ ). При этом наибольшие значения расстояний дает географически близкая к Пинеге костромская популяция ( $d=0.30$ ), демонстрируя эффекты дрейфа генов.

Северо-восточная популяция Архангельской области (Мезень) еще более генетически близка к географически далеким балтам (расстояние до литовцев  $d=0.03$ , до латышей  $d=0.03$  и до коми  $d=0.03$ ). Генетические расстояния до других финно-угров вновь выше, чем до балтов: до эстонцев  $d=0.06$ , до карелов, вепсов, ижорцев  $d=0.10$ , до финнов Карелии  $d=0.28$ , до финнов Финляндии  $d=0.37$ , до венгров  $d=0.74$ . Среднее генетическое расстояние до финно-угров составляет  $d=0.26$ , в то время как отличия от балтов на порядок ниже ( $d=0.03$ ). При этом среднее расстояние от Мезени до других русских популяций такое же, как и до финно-угров  $d=0.29$ .

Популяция юго-востока Архангельской области (Красноборский район) вновь генетически ближе всего к балтам ( $d=0.06$ ). Расстояния до финно-угров в три раза больше ( $d=0.20$ ), а средние расстояния до других русских популяций по сравнению с Пинегой и Мезенью возросли в два раза ( $d=0.48$ ), несмотря на то, что географически Красноборск ближе к другим русским популяциям. Поэтому своеобразие красноборской популяции отражает не ее «оторванность» от русского генофонда по происхождению, а эффект дрейфа генов – частота мажорной гаплогруппы **R1a1** в русском генофонде в среднем составляет 46.7%, а в красноборской популяции она более, чем в два раза ниже – 19.8% (табл. 5).

В целом анализ отцовских линий наследования (гаплогрупп Y хромосомы, наиболее распро-

страненных на Русском Севере), обнаруживает наиболее устойчивое сходство с балтами, а не финно-уграми, то есть выявляет западные, а не восточные влияния в «отцовском» генофонде Русского Севера. Однако авторы далеки от того, чтобы просто поменять финно-угорский субстрат на балтский. Выявленное генетическое сходство и с балтскими, и с финноязычными, и с германоязычными популяциями севера Европы указывает, на наш взгляд, на сохранение более древних пластов генофонда, существовавших задолго до разделения балто-славянских и финских лингвистических общностей и роднящих разноязыкие ныне народы севера Европы и их генофонды.

## 5. АНТРОПОЛОГИЧЕСКИЕ ДАННЫЕ

Как будет показано ниже, целый ряд данных, накопленных физической антропологией, имеет прямое отношение к полученным в настоящей работе результатам. В первую очередь стоит сказать о данных антропологического анализа населения Пинежского района Архангельской области (популяции на самой границе с Республикой Коми), проведенного в сотрудничестве коллектива ЛПГЧ и академика Т.И. Алексеевой. Его результаты показали, что население Пинежского района наиболее сходно не с субстратным населением, представленным восточными финнами, а со старожильческим русским населением: выявленный антропологический тип полностью соответствует размаху изменчивости северного русского типа [Балановская, Балановский, 2007]. Население является высокорослым, с ярко выраженными

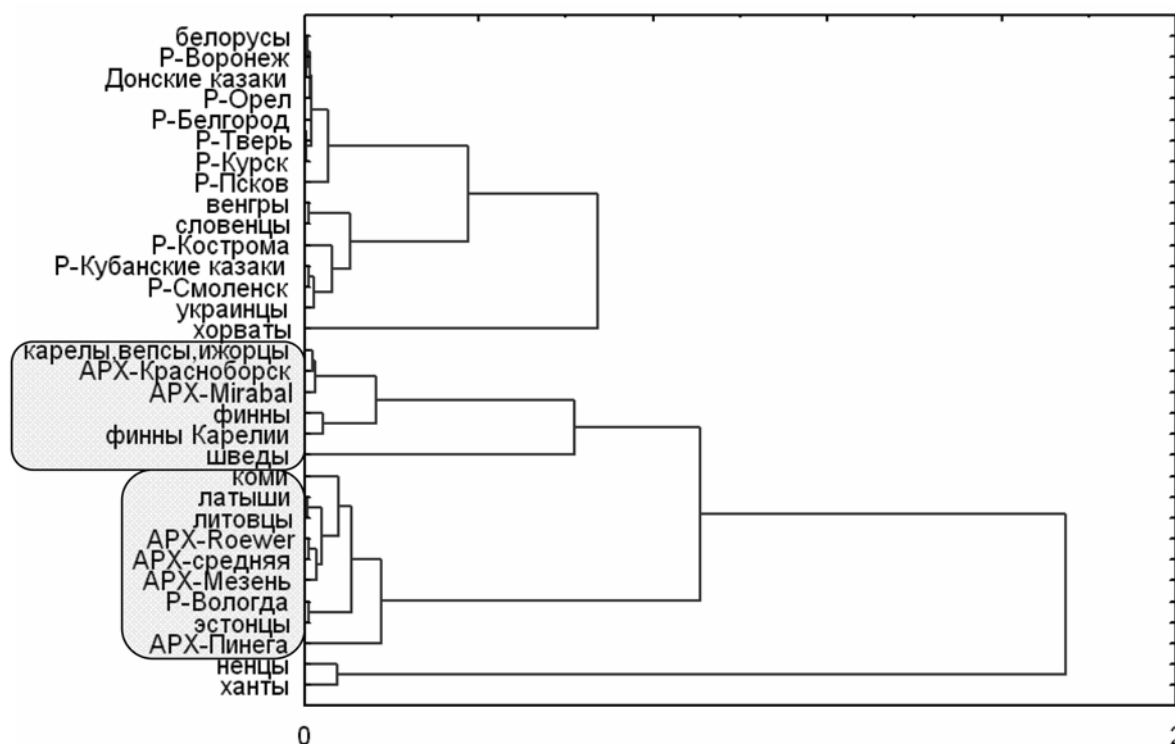


Рис. 12. Взаимное расположение на дендрогрaмме популяционных генофондов Европы по данным о частотах шести гаплогрупп Y-хромосомы

чертами европеоидного типа, выраженной горизонтальной профилировкой лица, повышенным процентом светло-голубых глаз (№ 10-11) и русых волос, сильно выступающим носом. В целом, этот тип отражает влияние не низовской (ростово-суздальской) колонизации Русского Севера, а влияние более ранней северо-западной (новгородской) колонизации и, возможно, балтского компонента. Однако здесь не исключено и влияние западных финно-угров, расселившихся на Пинега до прихода сюда и славян, и коми («Сура поганая» русских источников).

О сложности антропологического состава современного и древнего населения Русского Севера и Северо-Запада писалось неоднократно [Чебоксаров, 1947; Дебец, 1948; Седов, 1952; Алексеева, 1963; Алексеев, 1969; Витов, 1997]. Так как Архангельская область с точки зрения палеоантропологии практически не изучена, обратимся к данным по Северо-Западу. Последние фундаментальные работы по палеоантропологии Северо-Запада, написанные Н.Н. Гончаровой и С.Л. Санкиной, позволяют представить себе то огромное морфологическое разнообразие, которое сформировалось здесь к середине II тысячелетия. В данной работе мы не будем пытаться даже кратко обрисовать мозаику краниологических комплексов,

фиксирующихся на Северо-Западе в XI–XVI вв. Отметим лишь, что средневековое население Новгородской земли не было однородным ни в ранний период – XI–XIII вв., ни позднее – в XIV–XVI вв. При этом Н.Н. Гончарова указывает на заметную роль метисационных процессов и возможное сохранение у части популяций реликтовых антропологических особенностей, а С.Л. Санкина, кроме того, допускает существенное влияние эпохальной динамики в изменении формы черепа [Гончарова, 1995, 2000, 2003; Санкина, 1995, 2000, 2008].

Ракурс данной работы заставляет нас обратиться к еще одной морфологической системе признаков – одонтологическим феноменам. В одонтологическом отношении северные русские представляют собой крайне любопытное явление, до конца пока не нашедшее себе объяснения. Данные по одонтологии Русского Севера и Северо-Запада собирались и анализировались Н.И. Халдеевой, В.Ф. Ващевой (Кашибадзе) и Р.У. Гравере. На ранних этапах изучения этих территорий было отмечено присутствие основных черт северного грацильного типа, для которого характерно наличие «восточного налета» (коленчатая складка метаконида) и грацильность нижних моляров. При этом оказалось, что в рассмотренных немногочислен-



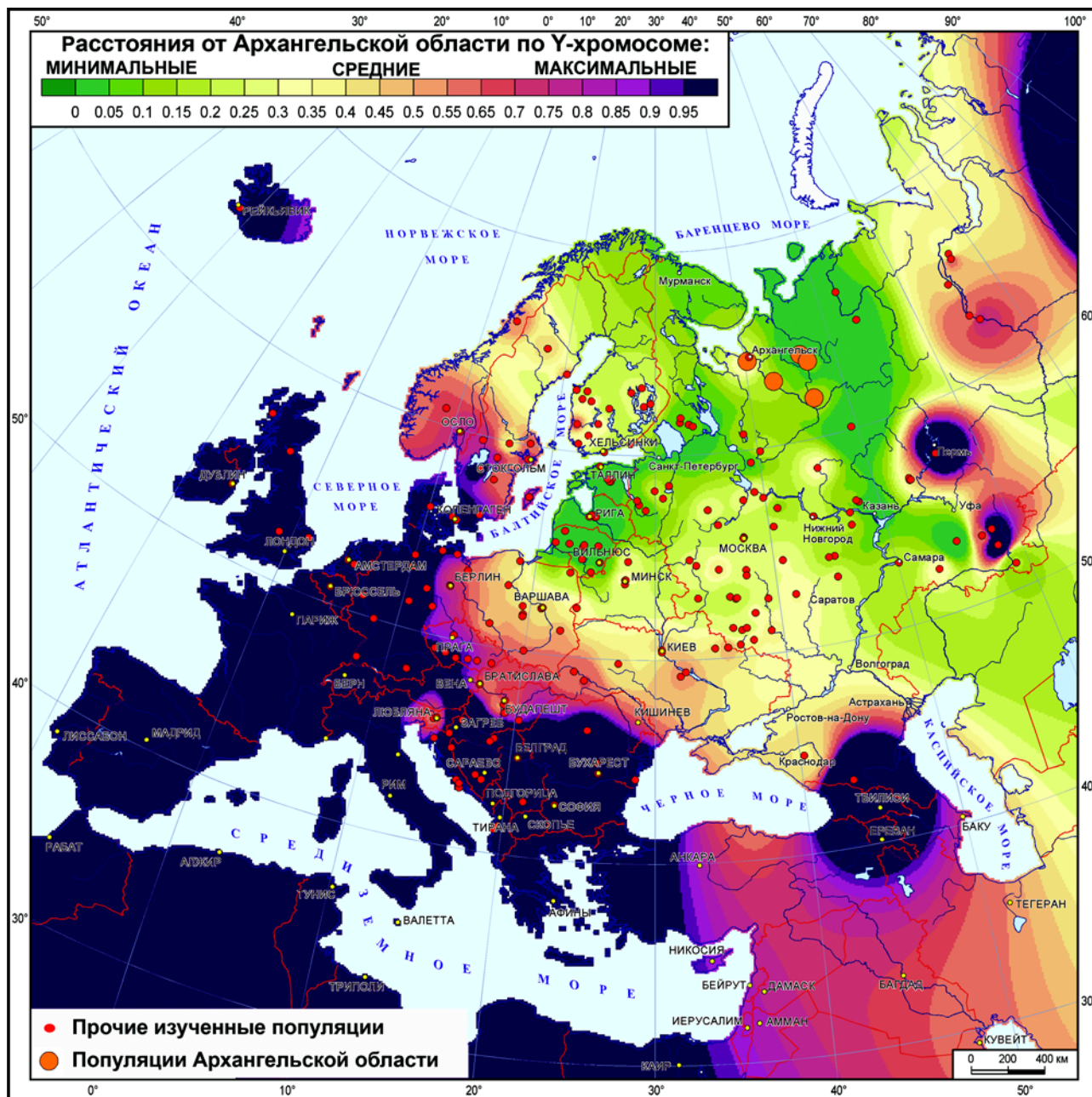


Рис. 13. Карта генетических расстояний от популяций Архангельской области до народов Европы по данным о распределении гаплогрупп Y хромосомы (отцовские линии наследования)

Обозначения. Территории, население которых наиболее генетически близко к генофонду Русского Севера, окрашено в зеленые тона; средние генетические расстояния от Русского Севера – в желтые тона; максимальные генетические отличия – в красные тона. Генетически изученные популяции Европы обозначены красными точками, популяции Архангельской области – оранжевыми кружками

ных на тот момент выборках четко не фиксируется «финский» компонент [Аксянова и др., 1979]. Обширные данные, собранные В.Ф. Вацаевой, показали широкое распространение на искомым территориях северного грацильного типа, при этом ей удалось отметить заметное одонтологическое своеобразие некоторых групп Северо-Запада – это Псков и Старый Изборск [Вацаева, 1977]. Позднее Н.И. Халдеева дополнила этот список материалами из Архангельской области, собранными в Холмогорах, и обосновала реальность «локального» грацильного одонтологического типа, свойственного этим популяциям [Халдеева, 1986]. Еще дальше в изучении фенотипического разнообразия северных русских продвинулась Р.У. Гравере, констатируя их одонтологическую гетерогенность и отсутствие в этих популяциях общего, единого для них одонтологического типа. Для современного населения Северо-Запада ею выделены несколько одонтологических комплексов, один из которых – североевропейский реликтовый – представлен как у отдельных средневековых популяций (Хреплё, Валговицы), так и у неолитического населения севера Восточной Европы [Гравере, 1990]. Таким образом, большое морфологическое разнообразие и мозаичность антропологического состава населения Северо-Запада, имевшие место в эпоху средневековья, хорошо прочитываются по другой системе признаков и в современном русском населении северных областей России.

Вернемся к данным краниологии. Анализируя морфологическое разнообразие средневекового населения Северо-Запада и Прибалтики, С.Л. Санкина недвусмысленно указывает на то, что в антропологическом составе этого населения «читаются» реликтовые краниологические комплексы. Так, с древним, судя по всему индоевропейским субстратом, она связывает особенности строения черепа древних эстов XI–XIII вв. Краниологическое сходство балтов и ранних новгородцев она склонна объяснять не прямым воздействием балтских популяций, а древним их родством, с чем можно полностью согласиться. Более того, «сходство части балтов, славян и финнов может свидетельствовать о едином древнеевропейском субстрате, когда-то имевшем широкое распространение» [Санкина, 2000. С. 64]. Здесь уместно вспомнить, что о сходстве славянских черепов с территории Северо-Запада с черепами неолитической эпохи из Средней Европы гораздо ранее написала Т.И. Алексеева, подкрепившая этот тезис и краниометрическими данными [Алексеева, 1963. С. 142–143].

В этой связи небезынтересно вспомнить мнение Н.Н. Чебоксарова, высказанное еще в 1947 г. Он считал, что «ильменские поозеры сохранили свой средневековый тип в почти неизменном

виде...», и предполагал существенные различия в темпах расогенеза, имевшего место на территории Новгородской земли и в более южных и восточных районах. «Объяснение этому интересному явлению надо, очевидно, искать в особенностях исторического развития русского Севера и, прежде всего, в том, что здесь не было такого интенсивного смешения этнических и антропологических элементов различного происхождения... Не случайно судьбу Новгородской земли до некоторой степени разделила Белоруссия, также лежавшая в стороне от торных дорог этнических перемещений и пертурбаций средневековья и сохранившая в силу этого расовые компоненты, наиболее сходные с древнеславянскими... В Западной Европе аналогичная «консервация» раннесредневековых долихократных форм имела место в Скандинавии и Исландии» [Чебоксаров, 1947. С. 267]. В полном согласии с точкой зрения учителя были и представления М.В. Витова, который написал в 1964 г. о близости ильменско-белозерского типа к антропологическим типам Северной Европы и в частности Скандинавии. Он предполагал, что в морфологических особенностях тех и других сохранились общие черты, восходящие еще к «верхнепалеолитическим насельникам Европы». Кроме этого М.В. Витов считал весьма вероятной «варяжско-скандинавскую примесь» у русских Северо-Запада [Витов, 1997. С. 15]. На этом моменте стоит остановиться подробнее.

Проблема скандинавского присутствия на Северо-Западе по данным палеоантропологии была затронута в неопубликованной, но хорошо известной по рукописи, статье А.Н. Юзефовича о краниологической серии из Старой Ладogi (1941). Данная выборка, бесспорно крайне своеобразная в морфологическом отношении, – долихократная, с низким сводом, очень высоким, относительно узким, резко профилированным лицом – неоднократно привлекала к себе внимание исследователей (В.В. Седов, Т.И. Алексеева и др.). Специальная публикация о ней появилась относительно недавно [Санкина, Козинцев, 1995]. Главный ее вывод – население XI–XIII вв., погребенное на Земляном городище Старой Ладogi, представляет собой выходцев из Скандинавии и их потомков. Позднее С.Л. Санкина обнаружила краниологические комплексы, связываемые ею со скандинавами, и в Белозерье, на р. Мологе, и на Ижорском плато [Санкина, 2004, 2008]. Приводимые автором доказательства в целом убедительны, однако они ставят целый ряд острых вопросов. Так, например, почему по данным многомерных статистических анализов к скандинавским выборкам ближе всего оказываются не наиболее ранние группы «скандинавов» Северо-Запада (периода, когда присутствие скандинавов здесь хорошо фик-

сируется данными письменных источников и археологии), а наиболее поздние? Или почему «скандинавам» Северо-Запада и Белозерья ближе всего не скандинавы Швеции или Норвегии (что было бы логично!), а раннесредневековое население Германии VI–VIII вв.? Кроме того, нельзя не упомянуть результата, полученного для Старой Ладogi С.Г. Ефимовой, по данным которой эта выборка ближе всего стоит к вестготам Испании V–VII вв. [Ефимова, 2002. С. 170]. С нашей точки зрения выявленные С.Л. Санкиной краниологические комплексы, безусловно, обособленно выходящие на фоне антропологического разнообразия средневекового населения Севера и Северо-Запада, пока не позволяют говорить о том, что описаны именно «варяжские» серии. Однако к теме настоящей работы этот сюжет имеет самое прямое отношение. Ведь в рамках палеоантропологии удалось зафиксировать отдельные (видимо, редкие) популяции, аналогии которым найдены исключительно в раннесредневековом и еще более древнем населении Европы. В эпоху развитого средневековья они, судя по всему, были распространены по Северу и Северо-Западу уже очень дисперсно.

Таким образом, оказывается, что ильменско-белозерский антропологический тип не был единственным в ряду реликтовых расовых вариантов Европы, сохранившихся до настоящего времени. Об этом свидетельствуют и материалы по псковским поозерам, где представлен очень архаичный западно-балтийский антропологический тип, и материалы М.В. Витова, полностью опубликованные Т.И. Алексеевой только в 1997 г. и еще не вполне разработанные [Беневоленская, Давыдова, 1986; Витов, 1997]. Так, собственно не углубляясь в антропологический анализ последних, укажем, что в современном населении Архангельской области также фиксируются популяции, для которых характерно заметно более высокое лицо (морфологическая высота – 127.8–128.0), достаточно широкий нос (36.3–36.5) и средняя длина тела (165.5–165.8). Это русские Лешуконского и Мезенского районов. Характерно, что морфологическое своеобразие некоторых современных популяций Архангельской области находит себе аналогии в палеоантропологическом материале с территории Северо-Запада. Особенно хотелось бы обратить внимание на то, что это те же популяции, что выделяются и по данным ДНК полиморфизма. Как по данным молекулярной генетики, так и по данным палеоантропологии они тяготеют к западноевропейским популяциям в силу их общего генезиса на палеоевропейской антропологической основе.

## Заключение

Следуя поставленным задачам, в работе впервые создан максимально полный генетический портрет населения Русского Севера по всем основным системам ДНК полиморфизма (Y хромосомы, митохондриальной ДНК, аутосомных ДНК маркеров) и по фонду фамилий, а также проведено его сравнение с генофондами других русских популяций. Для всех ДНК маркеров проведено панорамное сравнение генофондов Русского Севера и Европы. Это способствовало решению третьей задачи работы – позволило сделать еще один шаг к пониманию причин своеобразия населения Архангельской области.

По данным о фонде фамилий Русский Север целиком вошел в состав общего массива русских популяций. Выраженное своеобразие севернорусских фамилий указывает на эффекты дрейфа генов. Однако оно не максимально в «русском масштабе»: своеобразие Северного региона не выше, чем Восточного, и намного меньше, чем своеобразие фамилий кубанских казаков.

По данным о полиморфизме Y хромосомы (отражающей наиболее дифференцированные отцовские линии наследования) все популяции Архангельской области входят в обширный «северный» кластер вместе с популяциями вологодских русских, балтов (латышей и литовцев), финноязычных народов (коми, карелов, вепсов, ижорцев, эстонцев, финнов), а также германоязычных шведов. При этом сходство русского Севера с географически отдаленными популяциями балтов оказывается более выражено, чем сходство с финно-уграми: преобладающее влияние балтов характерно для каждой популяции Русского Севера, в то время и степень сходства с финно-уграми, и спектр генетически сходных финно-угорских популяций оказывается различным. Поэтому выявленное генетическое сходство населения столь пестрого в лингвистическом отношении (славяне, балты, финны, германцы), но единого в географическом пространстве (от Балтики до Печоры) региона, может указывать на сохранение на этой территории палеоевропейского генофонда, предшествовавшего разделению и балто-славянской, и финской лингвистической общности.

По данным о полиморфизме митохондриальной ДНК (отражающей менее дифференцированные материнские линии наследования) Русский Север обнаруживает близость с огромным массивом народов северной половины Европы, причем наиболее генетически близкими к Русскому Северу оказались генофонды норвежцев и немцев. На дендрограмме все популяции Русского Севера входят в единый кластер также с поляками, швейцарцами, ирландцами, шотландцами,

австрийцами, боснийцами, литовцами. Таким образом, митохондриальный генофонд Русского Севера тяготеет в большей степени к Западной и Центральной Европе, а остальные русские популяции – к генофондам Восточной Европы. Но еще более важен иной вывод: все финноязычные популяции (за исключением эстонцев) не только находятся в иных кластерах, чем популяции Русского Севера, но как западные (финны, карелы), так и восточные финны (коми, марийцы, мордва) удалены от Русского Севера на максимальное генетическое расстояние, отрицая по материнским линиям наследования вклад финно-угорского пласта в формирование населения Русского Севера.

Данные по наиболее изученному и высоко полиморфному в Европе аутосомному маркеру CCR5del32 полностью подтверждают этот вывод: область регулярно встречаемых высоких частот CCR5del32 охватывает генофонд населения северной половины Европы, указывая на существование мощного общего генетического пласта, полностью включающего в себя и Русский Север. Причем по числу народов с высокой частотой CCR5del32 финноязычные народы уступают и германоязычным, и славянским народам, вновь ставя под сомнение финно-угорский пласт в севернорусском генофонде.

Подчеркнем, что своеобразие генофонда Русского Севера, хотя и четко выражено, но не выходит за орбиту основного массива русских популяций, что подтверждается анализом и совокупности аутосомных ДНК маркеров, и фонда фамилий, и Y хромосомы. Такое «двойное подданство» – принадлежность к широкому спектру европейских популяций и одновременно принадлежность к русскому генофонду в качестве его неотъемлемой части – хорошо объясняется гипотезой наложения на древний палеоевропейский субстрат интенсивных миграций древних славянских племен, пришедших «северным путем» на Русский Север.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют против мнения, что генофонд Русского Севера представляет собой финно-угорский субстрат с тонкой амальгамой славянских влияний. Напротив, обнаруживается сходство с генофондом северной половины Европы, причем по материнским линиям наследования – с весьма географически далекими популяциями Западной и Центральной Европы, по отцовским линиям – с балтами.

В целом, обнаруженное сходство генофонда Русского Севера с целым рядом генофондов северной половины Европы позволяет выдвинуть гипотезу о сохранении на этих территориях (в том числе и на Русском Севере) древнего генофонда Европы, восходящего, возможно, еще к эпохе мезолита. Этот палеоевропейский генофонд был

унаследован как северными древнерусскими популяциями, так и балтами, и частью финноязычных племен, расселившихся здесь в более раннее время. Полученные данные позволяют предположить, что палеоевропейское население севера Восточной Европы, на основе которого сформировалось также балтское и германоязычное население современной Европы, длительное время сохранялось в регионах, прилегающих к Белому морю, и в эпоху раннего средневековья испытало мощное влияние северной волны древних славян.

Поэтому ответ, который молекулярная генетика в настоящий момент может дать на вопрос, вынесенный в заголовок статьи, можно сформулировать таким образом: «генофонд Русского Севера = палеоевропейцы + северная волна славянской колонизации». Эта гипотеза не противоречит данным палеоантропологии, но требует дальнейшей проверки – как методами генетики, так и антропологии.

Возвращаясь к посвящению данной работы Михаилу Васильевичу Ломоносову, можно сказать, что признанный европейский масштаб его гения при несомненной «русскости» его личности полностью отражает особенности генофонда его родины – Русского Севера.

## Благодарности

Исследование выполнено при поддержке проекта «Генография» (The Genographic project), грантов РФФИ 10-04-01603, 10-07-00515, 10-06-00451, 11-06-00333, 11-04-01867, 11-07-90703, Федеральной целевой программы «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» (ГК 2011-1.4.-501-001-017(15) и Программы фундаментальных исследований Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология».

## Библиография

- Аксянова Г.А., Зубов А.А., Сегида С.П., Пескина М.Ю., Халдеева Н.И. Русские // Этническая одонтология СССР. М., 1979. С. 9–31.
- Алексеев В.П. Происхождение народов Восточной Европы (краниологическое исследование). М., 1969. 324 с.
- Алексеева Т.И. Некоторые новые материалы по краниологии северо-западных областей Восточной Европы в эпоху средневековья // Антропологический сборник. Вып. IV – ТИЭ, новая серия. Т. 82. М., 1963. С. 122–143.
- Алексеева Т.И. Этногенез восточных славян по данным антропологии. М., 1973. 331 с.
- Алексеева Т.И. Этногенез и этническая история восточных славян по данным антропологии // Восточные славя-

- не. Антропология и этническая история. М., 1999. С. 307–315.
- Алексеева Т.И., Давыдова Г.М.* Антропологический облик русского народа // Русские. М., 2005. С. 57–79.
- База данных Y-base: изменчивость Y-хромосомы в популяциях мира (составители Балановский О.П., Пшеничников А.С., Сычев Р.С., Балановская Е.В.). 2010. URL: <http://www.genofond.ru> (дата обращения 14.06.2011).
- Балановская Е.В., Балановский О.П.* Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч. 2007. 416 с.
- Балановский О.П., Кошель С.М., Запороженко В.В., Пшеничников А.С., Фролова С.А., Кузнецова М.А., Баранова Е.Е., Теучеж И.Э., Кузнецова А.А., Ромашкина М.В., Утевская О.М., Чурносов М.И., Виллемс Р., Балановская Е.В.* Эколого-генетический мониторинг в популяциях человека: гетерозиготность, гаплотипическое разнообразие мтДНК и генетический груз // Генетика, 2011 (в печати).
- Балановский О.П., Пшеничников А.С., Фролова С.А., Васинская О.А., Дибирова Х.Д., Кузнецова М.А., Кошель С.М., Запороженко В., Чурносов М.И., Атраментова Л.А., Утевская О., Тезако О.В., Почешхова Э.А., Микулич А.И., Виллемс Р., Балановская Е.В.* Основные черты митохондриального генофонда восточных славян // Медицинская генетика, 2010. Т. 9. № 1. С. 29–37.
- Беневоленская Ю.Д., Давыдова Г.М.* Псковские поозеры // Антропология современного и древнего населения Европейской части СССР. Л., 1986. С. 3–52.
- Вацаева В.Ф.* Одонтологическая характеристика русских западных и северо-западных областей РСФСР // Вопр. антропол., 1977. Вып. 56. С. 102–111.
- Витов М.В.* Антропологические данные как источник по истории колонизации Русского Севера. М., 1997. 201 с.
- Гончарова Н.Н.* Антропология словен новгородских и вопросы их происхождения // Горизонты антропологии: Тр. Междунар. научн. конф. памяти В.П. Алексеева. М., 2003. С. 206–211.
- Гончарова Н.Н.* Антропология словен новгородских и их генетические связи. Автореф. дисс. ... канд. биол. наук. М., 1995.
- Гончарова Н.Н.* Особенности антропологического типа новгородских словен в связи с вопросами происхождения // Народы России: от прошлого к настоящему. Антропология. Ч. II. М., 2000. С. 66–94.
- Гравере Р.У.* Формирование одонтологических комплексов северо-западных русских // Балты, славяне, прибалтийские финны: Этногенетические процессы. Рига, 1990. С. 145–182.
- Дебец Г.Ф.* Палеоантропология СССР // Тр. Института этнографии. Новая серия. Т. IV. М.-Л., 1948. 392 с.
- Дибирова Х.Д.* Роль географической подразделенности и лингвистического родства в формировании генетического разнообразия населения Кавказа (по данным об Y хромосоме). Дис. ... канд. биол. наук. Москва, 2011. 150 с.
- Евсеева И.В., Спицын В.А., Макаров С.В., Бысковская Л.С., Пай Г.В.* Генетический полиморфизм групп крови и эритроцитарных ферментов в трех этно-территориальных группах северных территорий России // Генетика, 2001. Т. 37(11) С. 1571–1577 [4].
- Ефимова С.Г.* Население средневековой Европы: соотношение антропологических и этнокультурных общностей // На путях биологической истории человечества. Т. I. М., 2002. С. 157–178.
- Инфосистема «Русские фамилии» (составители Балановская Е.В., Балановский О.П., Евсеева И.В.). 2009. URL: <http://www.genofond.ru> (дата обращения 14.06.2011) и компьютерная сеть лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра РАМН.
- Лимборская С.А., Хуснутдинова Э.К., Балановская Е.В.* Этногеомика и геногеография народов Восточной Европы. М.: Наука. 2002. 261 с.
- Ломоносов М.В.* Древняя Российская история от начала российского народа до кончины великого князя Ярослава Первого или до 1054 года. СПб., 1766. 145 с.
- Пежемский Д.В.* Краниологические материалы из раскопок А.В. Арциховского 1936–1938 и 1952 гг. // Новгородские археологические чтения – 2. Мат. научн. конф., 21–24 сентября 2002 г. Великий Новгород, 2004. С. 106–113.
- Пежемский Д.В.* Новые материалы по краниологии позднесредневековых новгородцев // Народы России: от прошлого к настоящему. Антропология. Ч. II. М., 2000. С. 95–129.
- Почешхова Э.А.* Геногеографическое изучение народов Западного Кавказа. Дис. ... докт. мед. наук. М., 2008.
- Происхождение и этническая история русского народа по антропологическим данным // Тр. Института этнографии. Новая серия. Т. 88. М., 1965.
- Пшеничников А.С.* Структура генофонда украинцев по данным о полиморфизме митохондриальной ДНК и Y хромосомы. Дис. ... канд. биол. наук. М., 2007. 155 с.
- Санкина С.Л.* Антропологический состав и происхождение средневекового населения Новгородской земли. Автореф. дисс. ... канд. ист. наук. СПб., 1995.
- Санкина С.Л.* Антропологический состав средневекового населения Новгородской земли // Народы России: от прошлого к настоящему. Антропология. Ч. II. М., 2000. С. 5–65.
- Санкина С.Л.* Антропология средневекового населения Русского Севера (X–XIV вв.) // Палеоантропология, этническая антропология, этногенез. К 75-летию И.И. Гохмана. СПб., 2004. С. 83–107.
- Санкина С.Л.* Скандинавская проблема в свете антропологических данных: группы Русского Севера и Северо-Запада эпохи средневековья (XI–XIII века) // Археология, этнография и антропология Евразии, 2008. № 1(33). С. 142–156.
- Санкина С.Л., Козинцев А.Г.* Антропологическая характеристика серии скелетов из средневековых погребений Старой Ладogi // Антропология сегодня. Вып. 1. СПб., 1995. С. 90–107.
- Седов В.В.* Антропологические типы населения северо-западных земель Великого Новгорода // КСИЭ. Вып. XV. М., 1952. С. 72–85.
- Седов В.В.* Этнический состав населения северо-западных земель Великого Новгорода (IX–XIV вв.) // СА. Т. XVIII. М., 1953. С. 190–229.
- Соловьева Д.С., Балановская Е.В., Кузнецова М.А., Васинская О.А., Фролова С.А., Почешхова Э.А., Евсеева И.В., Болдырева М.Н., Балановский О.П.* Русский генофонд: геногеография Alu-инсерций (ACE, APOA1, B65, PV92, TPA25) // Молекулярная биология, 2010. Т. 44. № 3. С. 447–455. [34]
- Сорокина И.Н., Балановская Е.В., Чурносов М.И.* Генофонд населения Белгородской области. I. Дифференциация всех районных популяций по данным антропоники // Генетика, 2007. Т. 43. № 6. С. 841–849.
- Халдеева Н.И.* К вопросу о взаимоотношениях одонтологических комплексов в контактных зонах (на примере рус-

- ских Псковской области) // Антропология современного и древнего населения Европейской части СССР. Л., 1986. С. 53–62.
- Хартанович В.И. Древние и современные антропологические типы Северо-Запада России и Фенноскандии // Очерки исторической географии: Северо-Запад России: Славяне и финны. СПб., 2001. С. 499–507.
- Чебоксаров Н.Н. Ильменские поозеры // Тр. Института этнографии. Новая серия. Т. 1. М.-Л., 1947. С. 235–267.
- Чурносос М.И., Костоглодова И.Н., Сорокина И.Н., Жерлицына М.С., Балановская Е.В. Анализ популяционной структуры Белгородской области по комплексу биохимических и квазигенетических маркеров // Антропология на рубеже тысячелетий. М., 2004. Т. 1. С. 443–453
- Шумилов Н.А. Род Ломоносовых. Поколенная роспись. Изд. перераб. и дополн. Архангельск, 2001. 122 с.
- Baasner A., Schafer C., Junge A., Madea B. Polymorphic sites in human mitochondrial DNA control region sequences: population data and maternal inheritance // *Forensic Sci. Int.*, 1998. Dec 21. 98(3) P. 169–178 [17].
- Balanovsky O., Pocheshkhova E., Pshenichnov A., Solovieva D., Kuznetsova M., Voronko O., Churnosov M., Tegako O., Atramentova L., Lavryashina M., Evseeva I., Borinska S., Boldyreva M., Dubova N., Balanovska E. Is spatial distribution of the HIV-1-resistant CCR5Delta32 allele formed by ecological factors? // *J. Physiol. Anthropol. Appl. Human Sci.*, 2005. Jul. 24(4) P. 375–382 [33]
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // *Am. J. Hum. Genet.*, 2008. Jan. 82(1). P. 236–250 [29].
- Belyaeva O., Bermisheva M., Khrunin A., Slominsky P., Bebyakova N., Khusnutdinova E., Mikulich A., Limborska S. Mitochondrial DNA Variations in Russian and Belorussian Populations // *Human Biology*, 2003. 75(5) P. 647–660 [3].
- Bermisheva M., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E. Diversity of mitochondrial DNA haplotypes in ethnic populations of the Volga-Ural region of Russia // *Mol. Biol. (Mosk)*. 2002 Nov-Dec. 36(6). P. 990–1001 [11]
- Dimo-Simonin N., Grange F., Taroni F., Brandt-Casadevall C., Mangin P. Forensic evaluation of mtDNA in a population from south west Switzerland // *Int. J. Legal Med.* 2000. 113(2). P. 89–97 [40].
- Dupuy B.M., Olaisen B. MtDNA sequences in the Norwegian Saami and main populations // In: *Advances in forensic haemogenetics 6* / ed. A. Carraudo, B. Brinkmann and W. Bar. 1996. P. 23–25 [22].
- Bogacs-szabo E., Kalmar T., Csanyi B., Tomory G., Czibula A., Priskin K., Horvath F., Stephen Downes C., Rasko I. Mitochondrial DNA of Ancient Cumanians: Culturally Asian Steppe Nomadic Immigrants with Substantially More Western Eurasian Mitochondrial DNA Lineages // *Human Biology*, 2005. Oct. 77(5) P. 639–662 [8].
- Handt O., Richards M., Trommsdorff M., Kilger C., Simanainen J., Georgiev O., Bauer K., Stone A., Hedges R., Schaffner W., Utermann G., Sykes B., Paabo S. Molecular Genetic Analyses of the Tyrolean Ice Man // *Science*, 1994. 264. P. 1775–1778 [6].
- Helgason A., Hickey E., Goodacre S., Bosnes V., Stefansson K., Ward R., Sykes B. MtDNA and the islands of the North Atlantic: estimating the proportions of Norse and Gaelic ancestry // *Am. J. Hum. Genet.*, 2001. Mar. 68(3) P. 723–737 [19].
- Hofmann S., Jaksch M., Bezold R., Mertens S., Aholt S., Paprotta A., Gerbitz K.D. Population genetics and disease susceptibility: characterization of central European haplogroups by mtDNA gene mutations, correlation with D loop variants and association with disease // *Hum. Mol. Genet.*, 1997. Oct. 6(11). P. 1835–1846 [13].
- Kittles R.A., Bergen A.W., Urbanek M., Virkkunen M., Linnoila M., Goldman D., Long J.C. Autosomal, mitochondrial, and Y chromosome DNA variation in Finland: evidence for a male-specific bottleneck // *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1999. Apr. 108(4) P. 381–399 [24].
- Lahermo P., Sajantila A., Sistonen P., Lukka M., Aula P., Peltonen L., Savontaus M.L. The genetic relationship between the Finns and the Finnish Saami (Lapps): analysis of nuclear DNA and mtDNA // *Am. J. Hum. Genet.*, 1996. Jun. 58(6). P. 1309–1322 [25].
- Lutz S., Weisser H.J., Heizmann J., Pollak S. Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany // *Int. J. Legal Med.*, 1998. 111(2). P. 67–77 [18].
- Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V., Czarny J., Drobic K., Mińcicka-Sliwka D. Mitochondrial DNA variability in Bosnians and Slovenians // *Ann. Hum. Genet.*, 2003. Sep. 67(5). P. 412–425 [35].
- Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V., Czarny J., Wojniak M., Mińcicka-Sliwka D. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians // *Ann. Hum. Genet.*, 2002. Jul. 66(4). P. 261–283 [37].
- Malyarchuk B.A., Vanecek T., Perkova M.A., Derenko M.V., Sip M. Mitochondrial DNA variability in the Czech population, with application to the ethnic history of Slavs // *Hum. Biol.*, 2006. Dec. 78(6). P. 681–696 [27].
- McEvoy B., Richards M., Forster P., Bradley D.G. The Longue Durée of genetic ancestry: multiple genetic marker systems and Celtic origins on the Atlantic facade of Europe // *Am. J. Hum. Genet.*, 2004. Oct. 75(4) P. 693–702 [9].
- Mirabal S., Regueiro M., Cadenas A.M., Cavalli-Sforza L.L., Underhill P.A., Verbenko D.A., Limborska S.A., Herrera R.J. Y-chromosome distribution within the geo-linguistic landscape of northwestern Russia // *Eur J Hum Genet.* 2009. Oct. 17(10). P. 1260–1273 [31].
- Opdal S.H., Rognum T.O., Vege A., Stave A.K., Dupuy B.M., Egeland T. Increased number of substitutions in the D-loop of mitochondrial DNA in the sudden infant death syndrome // *Acta Paediatr.*, 1998. Oct. 87(10). P. 1039–1044 [23].
- Parson W., Fendt L., Ballard D., Borsting C., Brinkmann B., Carracedo A., Carvalho M., Coble M.D., Real F.C., Desmyter S., Dupuy B.M., Harrison C., Hohoff C., Just R., Kramer T., Morling N., Salas A., Schmitter H., Schneider P.M., Sonntag M.L., Vallone P.M., Brandstatter A. Identification of West Eurasian mitochondrial haplogroups by mtDNA SNP screening: results of the 2006–2007 EDNAP collaborative exercise // *Forensic Sci. Int. Genet.*, 2008. Jan. 2(1). P. 61–68 [5].
- Passarino G., Cavalleri G.L., Lin A.A., Cavalli-Sforza L.L., Borresen-Dale A.L., Underhill P.A. Different genetic components in the Norwegian population revealed by the analysis of mtDNA and Y chromosome polymorphisms // *Eur. J. Hum. Genet.*, 2002. Sep. 10(9). P. 521–529 [20].
- Pfeiffer H., Brinkmann B., Ньне J., Rolf B., Morris A.A., Steighner R., Holland M.M., Forster P. Expanding the forensic

- German mitochondrial DNA control region database: genetic diversity as a function of sample size and microgeography // *Int. J. Legal Med.*, 1999. 112(5). P. 291–298 [14].
- Pliss L., Tambets K., Loogvali E.L., Pronina N., Lazdins M., Krumina A., Baumanis V., VILLEMS R. Mitochondrial DNA portrait of Latvians: towards the understanding of the genetic structure of Baltic-speaking populations // *Ann. Hum. Genet.*, 2006. 70. P. 439–458 [12].
- Poetsch M., Wittig H., Krause D., Lignitz E. Mitochondrial diversity of a northeast German population sample // *Forensic Sci. Int.*, 2003. Nov. 26. 137(2-3). P. 125–132 [16].
- Pult I., Sajantila A., Simanainen J., Georgiev O., Schaffner W., Paabo S. Mitochondrial DNA sequences from Switzerland reveal striking homogeneity of European populations // *Biol. Chem. Hoppe Seyler.*, 1994. Dec. 375(12). P. 837–840 [41].
- Richards M., Corte-Real H., Forster P., Macaulay V., Wilkinson-Herbots H., Demaine A., Papiha S., Hedges R., Bandelt H.J., Sykes B. Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool // *Am. J. Hum. Genet.*, 1996. Jul. 59(1). P. 185–203 [15].
- Richards M., Macaulay V., Hickey E., Vega E., Sykes B., Guida V., Rengo C., Sellitto D., Cruciani F., Kivisild T., Villems R., Thomas M., Rychkov S., Rychkov O., Rychkov Y., Gulge M., Dimitrov D., Hill E., Bradley D., Romano V., Calaf F., Vona G., Demaine A., Papiha S., Triantaphyllidis C., Stefanescu G., Hatina J., Belledi M., Di Rienzo A., Novelletto A., Oppenheim A., Nurbay S., Al-Zaheri N., Santachiara-Benerecetti S., Scozari R., Torroni A., Bandelt H.J. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool // *Am. J. Hum. Genet.*, 2000. Nov. 67(5). P. 1251–1276 [21].
- Roewer L., Willuweit S., Kruger C., Nagy M., Rychkov S., Morozowa I., Naumova O., Sajantila A., Lahermo P., Anttinen T., Lukka M., Sistonen P., Savontaus M.L., Aula P., Beckman L., Tranebjaerg L., Gedde-Dahl T., Issele-Tarver L., Di Rienzo A., Paabo S. Genes and languages in Europe: an analysis of mitochondrial lineages // *Genome Res.*, 1995. Aug. 5(1). P. 42–52 [10].
- Sajantila A., Salem A.H., Savolainen P., Bauer K., Gierig C., Paabo S. Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, 1996. Oct 15. 93(21). P. 12035–12039 [28].
- Vanecek T., Vorel F., Sip M. Mitochondrial DNA D-loop hyper-variable regions: Czech population data // *Int. J. Legal Med.*, 2004. Feb. 118(1). P. 8–14. [26].

Контактная информация:

Балановская Елена Владимировна: E-mail: balanovska@mail.ru;  
 Пежемский Денис Валерьевич: e-mail: pezhemsky@yandex.ru;  
 Романов Алексей Геннадьевич: e-mail: a\_romanov85@mail.ru;  
 Баранова Елена Евгеньевна: e-mail: superbarash@rambler.ru;  
 Ромашкина Марина Васильевна: e-mail: RomashkinaMar@yandex.ru;  
 Балаганский Алексей Геннадьевич: e-mail: bal\_ag@mail.ru;  
 Агджоян Анастасия Торосовна: e-mail: athora@mail.ru;  
 Евсеева Ирина Викторовна: e-mail: evseevfamily@tiscali.co.uk;  
 Виллемс Рихард: e-mail: rvillems@ebc.ee;  
 Балановский Олег Павлович: e-mail: balanovsky@inbox.ru.

## THE NORTHERN RUSSIAN GENE POOL: SLAVS? FINNS? PALEO-EUROPEANS?

E.V. Balanovska<sup>1</sup>, D.V. Pezhemsky<sup>2</sup>, A.G. Romanov<sup>1</sup>, E.E. Baranova<sup>3</sup>, M.V. Romashkina<sup>3,4</sup>,  
 A.T. Agdzhoyan<sup>5</sup>, A.G. Balagansky<sup>1</sup>, I.V. Evseeva<sup>1,6</sup>, R. Villems<sup>7</sup>, O.P. Balanovsky<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Research Centre for medical genetics RAMS, Moscow

<sup>2</sup> Institute and Museum for anthropology, MSU, Moscow

<sup>3</sup> Vavilov Institute for general genetics RAS, Moscow

<sup>4</sup> Ogarev Mordovian State University, Saransk

<sup>5</sup> Karazin Kharkov State University, Kharkov, Ukrain

<sup>6</sup> Anthony Nolan blood cancer charity, London, UK

<sup>7</sup> Estonian Biocenter, Tartu, Estonia

*This study of the North Russian gene pool is dedicated to M.V. Lomonosov who always remembered his origin from Kholmogory of Arkhangelsk province. Though we are not able to analyze the gene pool of his descendants, we undertake the study of his fellow-townsmen, the present-day population of the Arkhangelsk province. First, we drew the detailed genetic portrait of the Russian North populations, using DNA-systems (Y chromosome, mitochondrial DNA, and autosomal markers) as well as surnames distribution data. Second,*

we performed the panoramic comparison of the North Russian gene pool with the wide set of Russian and European populations. Russian colonization of the North was one of the main stages in ethnogenesis of the Russian ethnos, and many researchers believe that North Russians were formed not only by Russian migrants but mainly by the pre-Slavonic substratum of Finno-Ugric populations. Thus, the third task of this study is to achieve better understanding of the causes of the peculiarity of the Archangelsk population.

The surname data shows that North Russian populations (including Kholmogory) belong to the general set of populations from the historical Russian area. The peculiarity of the North Russian surnames is clear but not outstanding: the average difference of surnames of North-Russian region from other regions ( $d=1.2$ ) is similar to the difference of surnames of East-Russian region ( $d=1.1$ ) and is less than the difference of surnames of Kuban Cossacks ( $d=1.6$ ).

The Y chromosomal data (reflecting the most differentiated paternal lineages) indicates that all populations from Archangelsk province are included in the vast "northern" cluster, along with Vologda Russians, Baltic speakers (Latvians and Lithuanians), Finnic speakers (Komi, Finns, Estonians, pooled group of Karels, Vepsa and Izhors) and Germanic speaking Swedes. Note, that North Russians are more genetically similar to geographically distant Baltic populations rather than to Finnic speakers: the similarity with Baltic populations was revealed for each North Russian population, while degree of similarity with Finnic speakers and set of similar Finnic populations do vary. The genetic similarity among linguistically heterogeneous but geographically united (from Baltic to Pechora) populations might indicate the Paleo-European gene pool persisting in this area, which preceded the split of the Balto-Slavic and Finnic linguistic branches.

The mitochondrial DNA data (reflecting the maternal lineages) demonstrates the similarity of the Russian North to the widest set of populations from northern half of Europe. Norwegians and Germans appear to be the most genetically similar to the Russian North. The cluster also includes Austrians, Swiss, Poles, Bosnians, Lithuanians, Irish, and Scottish. The neighbor cluster is formed by other Russian populations, Swedes, Estonians, Latvians, Belorussians, Ukrainians, Czech, Slovaks, Hungarians. But the main corpus of Finnic speakers (Finns, Karelians, Komi, Mordvinians, Mari) is very distant from European populations and from Russian North, which rejects the (previously supposed) strong contribution of Finno-Ugric populations into the Northern Russians.

The data on the (widely studied and highly polymorphic in Europe) autosomal marker CCR5del32 confirms this conclusion: the area of the regularly high frequencies covers populations of the northern half of Europe, stressing the pronounced genetic continuum, which includes also the Russian North. Note, that Finnic speakers have less number of ethnoses with high frequency of CCR5del32 than Germanic or Slavonic speakers.

To conclude, the revealed similarity of the North Russian gene pool with gene pools of Central Europe and northern part of the East Europe allows to hypothesize that these areas (including the Russian North) preserved the ancient European gene pool, probably from Mesolithic times. This Paleo-European gene pool was transmitted to both, North Russian populations and to the part of Finnic speaking populations, settled on these areas earlier. The obtained results suggest that Paleo-European population of the North of East Europe, which gave rise also to Baltic and Germanic speaking groups, survived for a long time near the White sea and in the Early Medieval times underwent the strong influence of the northern Slavonic wave. That is why molecular genetic could now answer the question, which is in the title of this paper, as follows: "The North Russian gene pool = Paleo-Europeans + Northern wave of the Slavonic colonization". This hypothesis does not contradict with paleoanthropological data but needs further verifications by both genetic and anthropological methods.

Key words: gene pool, Lomonosov, Russian North, Y chromosome, mitochondrial DNA, autosomal DNA markers, surnames