

Своеобразие новгородского генофонда

Исследован полногеномный генофонд населения Новгородской области в сопоставлении с широким кругом популяций европейской части России и Урала. Обнаружено своеобразие генофонда новгородцев: у них доминирует (90 % генома) предковая компонента, которая в других русских популяциях составляет лишь треть генофонда и отсутствует у большинства других народов. Она же доминирует в популяциях Ярославской области, а также в геномах жителей Нижегородской области, предки которых в средневековье переселились из Великого Новгорода. Это подтверждает, что данная предковая компонента отражает генофонд древней Новгородчины. Массовый след этой компоненты обнаружен у русских Ленского района Архангельской области, у большинства коми-пермяков и у половины геномов восточных финнов. Выдвинута гипотеза, что этот генетический пласт восходит к ильменским словенам, которые в свою очередь сохранили наследие местного дославянского населения, генетически более близкого востоку (волжским и пермским финно-язычным группам), чем западу (прибалтийским финно-язычным группам).

С целью реконструировать генетическую историю Новгородчины специалисты из Медико-генетического научного центра и Института общей генетики РАН изучили генофонд населения Новгородской области по подробной полногеномной панели. Результаты исследования, проведенного под руководством профессора РАН О.П.Балановского и профессора Е.В.Балановской, опубликованы в журнале «Вестник Новгородского государственного университета».

Чтобы проследить генетическую историю популяции по современной ДНК, очень важно правильно собрать выборку образцов. Выборка новгородского населения собиралась в тех деревнях и селах трех районов Новгородской области, в которых можно надеяться на сохранение генофонда населения исторической Новгородчины. В соответствии с критериями популяционной генетики биологические образцы брали только у тех людей, которые по всем четырем линиям родства происходят из данной местности: у каждого из них оба деда и обе бабушки родились в этих же районах Новгородской области. Ранее той же научной группой эти же популяции были изучены по одной из наиболее информативных генетических систем — Y-хромосоме. При этом было показано, что генофонд современной популяции новгородцев хранит генетическую память о древнем населении Новгородчины. Она отражена в двух аспектах: а) сходство с генофондом того региона Псковской области (Порхов), который входил в состав древнего Новгорода; б) различия между разными популяциями новгородцев оказались связаны с особенностями расселения славян вдоль рек и сохранением следов дославянского генофонда в междуречье. Интересно, что генофонд Новгорода отличается и от южных, и – что стало неожиданностью – от северных русских популяций, находится как бы «между севером и югом».

В данной работе проведен детальный анализ новгородского генофонда уже не по Y-хромосоме, а по наиболее обширной из ныне существующих полногеномных панелей, включающей аутосомные ДНК маркеры со всех хромосом генома.

В выборку новгородцев вошли 15 образцов из трех популяций северо-востока Новгородской области. Популяция №1 «Любытино» расположена на слиянии рек Белой и Мсты — судоходной реки, связывающей с Балтикой, которая служила важным военным и торговым путем. Популяция №2 «Кабожа» расположена на притоке Мологи и через Волгу связана с Каспийским бассейном. Популяция №3 «Анциферово» находится между популяциями «Любытино» и «Кабожа». Для ландшафта, в котором проживают популяции «Любытино» и «Кабожа» характерны группы длинных курганов и отдельные сопки – те и другие являются маркерами разных археологических культур. В месте проживания популяции «Анциферово» вместо крупных рек расположено множество озер, а в ландшафте отсутствуют длинные курганы и сопки.

Кроме того обследовали выборку из Нижегородской области, в нее вошли восемь человек, предки которых, согласно их генеалогии, происходят из средневекового Новгорода. Для сравнения привлечены также образцы из 20 русских популяций (251 геном) и популяций 20 других народов (442 генома) европейской части России и Урала. Суммарно в анализ вошли 716 геномов из 42 популяций. Генотипирование полногеномной панели SNP маркеров выполнено с помощью биочипа Infinium OmniExome BeadChip Kit (Illumina, США) на приборе iScan (Illumina, США).

Данные полногеномного генотипирования коренного населения Новгородской области проанализировали методом ADMIXTURE совместно с другими популяциями Восточно-Европейской равнины и Урала. Для каждого из 716 геномов из 22 русских популяций и 20 популяций других этносов (от саамов и карел на западе до обских угров на востоке) анализ ADMIXTURE провели 14 раз, последовательно задавая число «предковых компонент» от $k = 2$ до $k = 15$. Анализ подтвердил, что при многих k выявляется компонента, достигающая максимума в новгородской популяции и редкая в большинстве других групп населения. В частности, при восьми предковых компонентах ($k = 8$) одна из них (8k_5k) достигает максимальных значений именно у новгородцев, составляя почти весь их генофонд (91%). Та же картина повторяется при увеличении числа компонент до 14 (компонента 14k_6k). Результаты анализа картографировали. Приведенные ниже карты отражают распространение этой «новгородской» предковой компоненты в популяциях при $k = 8$ и $k = 14$. Высокие частоты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие частоты – зелеными тонами.

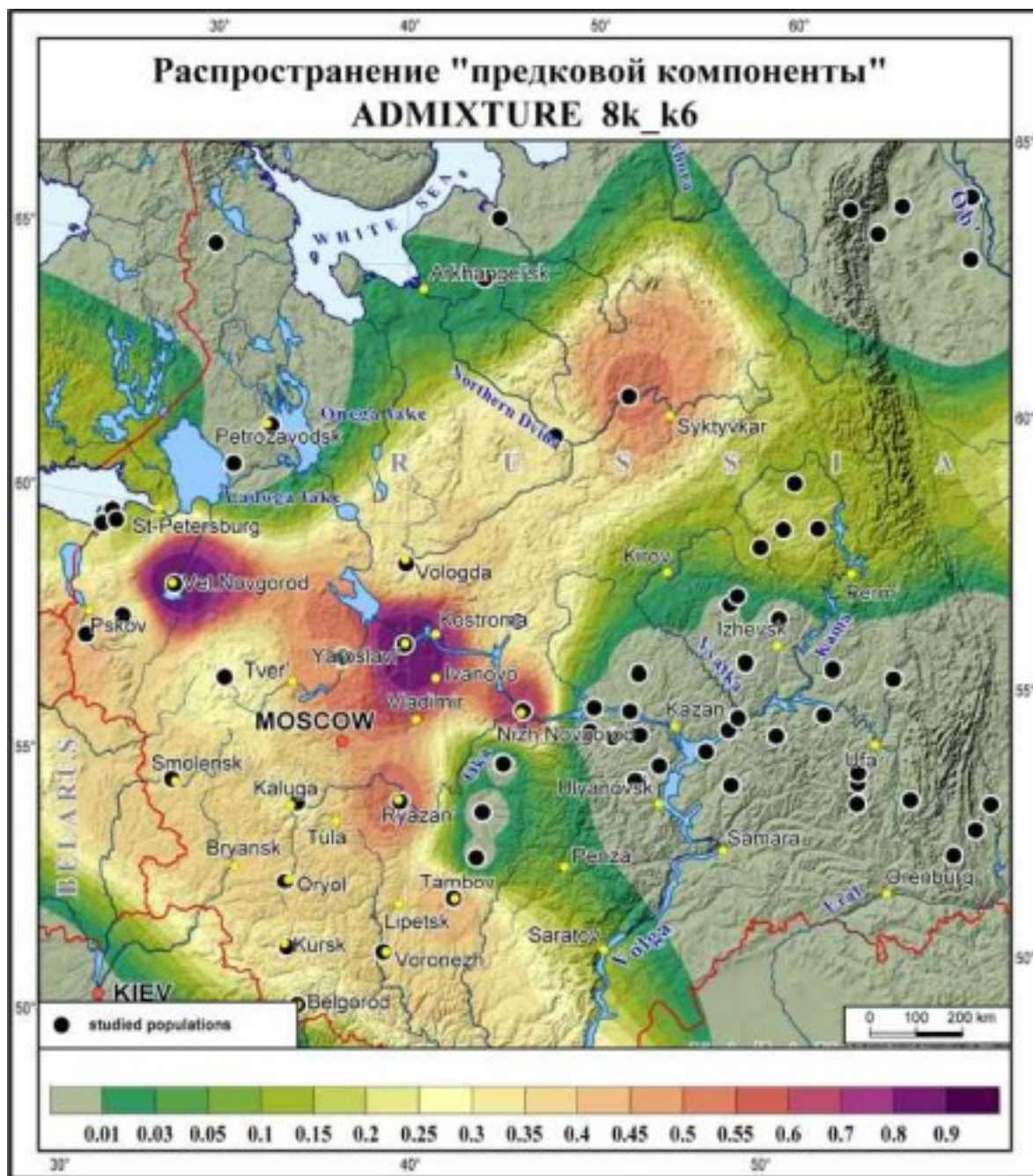


Рис. 1. Распространение условно «новгородской» предковой компоненты ADMIXTURE (при $k = 8$ предковых компонент). Высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие — зелеными, отсутствие — серым цветом, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками

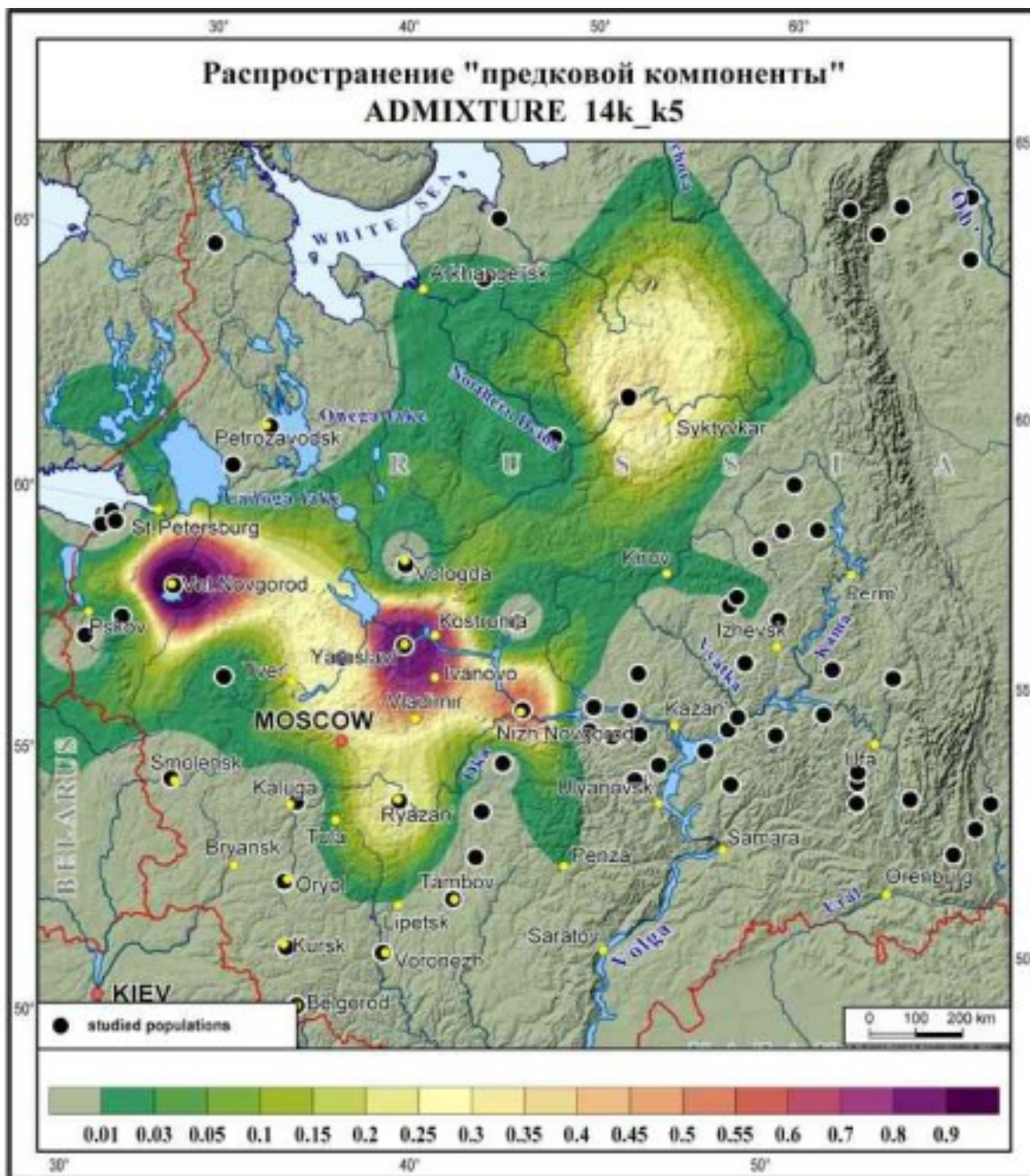


Рис.2. Распространение условно «новгородской» предковой компоненты ADMIXTURE (при $k = 14$ предковых компонент). Высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие — зелеными, отсутствие — серым цветом, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

Оказалось, что «новгородская» компонента составляет две трети (67%) генофонда тех нижегородцев, генеалогии которых предположительно ведут к Новгороду Великому. На индивидуальном уровне у двоих нижегородцев эта компонента вообще отсутствует, у одного при $k = 8$ составляет треть генома (38%), зато у остальных пяти эта компонента достигает 99%. Анализ на уровне $k = 14$ показал, в какой степени эти пять нижегородцев унаследовали генетический пласт древнего Новгорода: трою по всем линиям родства восходят к Новгороду Великому (100% генома), один — по 81% линиям родства, а еще один — наполовину (51%).

Во всех остальных русских популяциях при $k = 8$ «новгородская» компонента составляет в среднем треть генофонда (34%). Исключение составила ярославская популяция, в генофонде которой «новгородская» предковая компонента почти столь же велика (90%), как и в новгородской.

При переходе на большее число предковых компонент ($k = 14$) средний вклад «новгородской» предковой компоненты в русские генофонды резко снижается с 34% до 5%. Помимо новгородской он остается в трех популяциях: Ленского района Архангельской области, Кашинского района Тверской области, Михайловского и Спасского районов Рязанской области. В Ленском районе Архангельской области все обследованные индивиды, кроме одного, несут «новгородскую» предковую

компоненту (в среднем — 50% генома). Это говорит о неслучайном сходстве этой популяции с новгородской, указывая или на массовую миграцию, или же на древний, общий с населением Новгородчины генетический пласт. В Кашинском районе Тверской области, напротив, «новгородская» предковая компонента обнаружена лишь у трех человек, но составляет 80-100% их геномов, это указывает на включение в популяцию лишь отдельных мигрантов из новгородских земель. Аналогичная небольшая миграция фиксируется в Рязанской области: в двух случаях — 100% «новгородской» компоненты, в одном — 50%. Таким образом, только в Ленском районе Архангельской области обнаружен массовый генетический новгородский след, хотя и север Тверской области, Рязанская и Нижегородская области вовлечены в сферу влияния новгородско-ярославского генофонда (рис.1 и 2). Происхождение этого генетического пласта можно объяснить, как минимум, тремя гипотезами: генетическим влиянием Новгородчины, генетическим наследием ильменских словен и более древним генетическим следом дославянского населения.

Чтобы проверить эти гипотезы, авторы используют карты еще двух предковых компонент. Одна из них (рис.3, условно «поморская») наиболее характерна для северных русских популяций Архангельской области. Она убедительно демонстрирует, что Русский Север генетически отличен от Новгородчины, хотя исторически он очень тесно с ней связан. Таким образом, карта на рис.3 ставит под сомнение первую гипотезу.

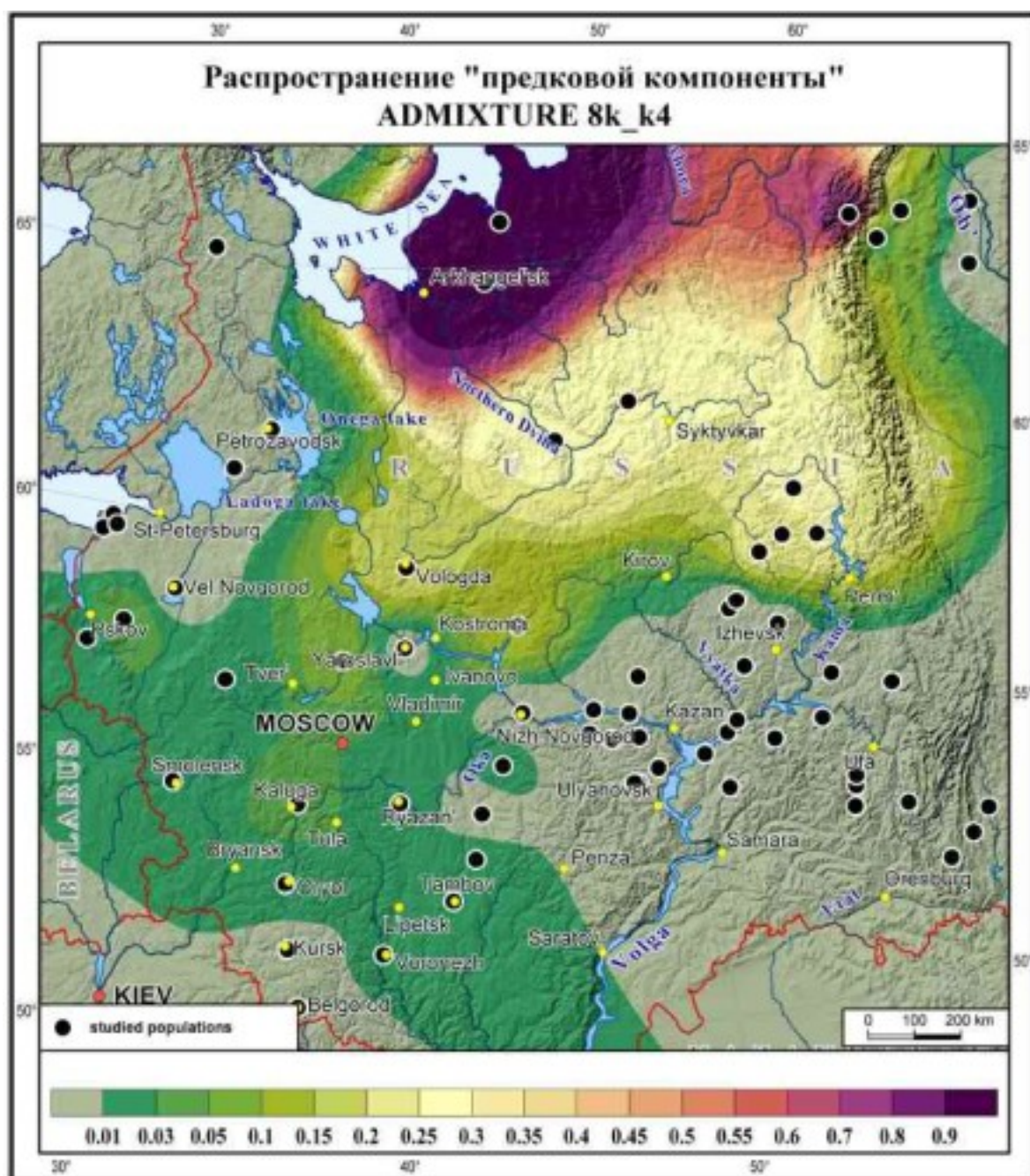


Рис.3. Распространение условно «поморской» предковой компоненты ADMIXTURE (при k = 8 предковых компонент). Высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие — зелеными, отсутствие — серым цветом, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

Гипотезу влияния ильменских словен проверить сложно, поскольку по их генофонду отсутствуют данные древней ДНК. Однако против этой гипотезы — несовпадение ареала «новгородской» компоненты с ареалом расселения словен. Рассматривая третью гипотезу, авторы отмечают, что наиболее вероятным кандидатом на роль дославянского субстрата для новгородско-ярославского круга популяций может быть меря — племена, относящиеся к западным финно-угорским группам. Условно «карельская» карта отражает генетические связи с финноязычным населением северо-запада России и противоречит третьей гипотезе проявления дославянского финноязычного населения в обнаруженной «новгородской» предковой компоненте, если связывать это дославянское население с народами прибалтийско-финской ветви.

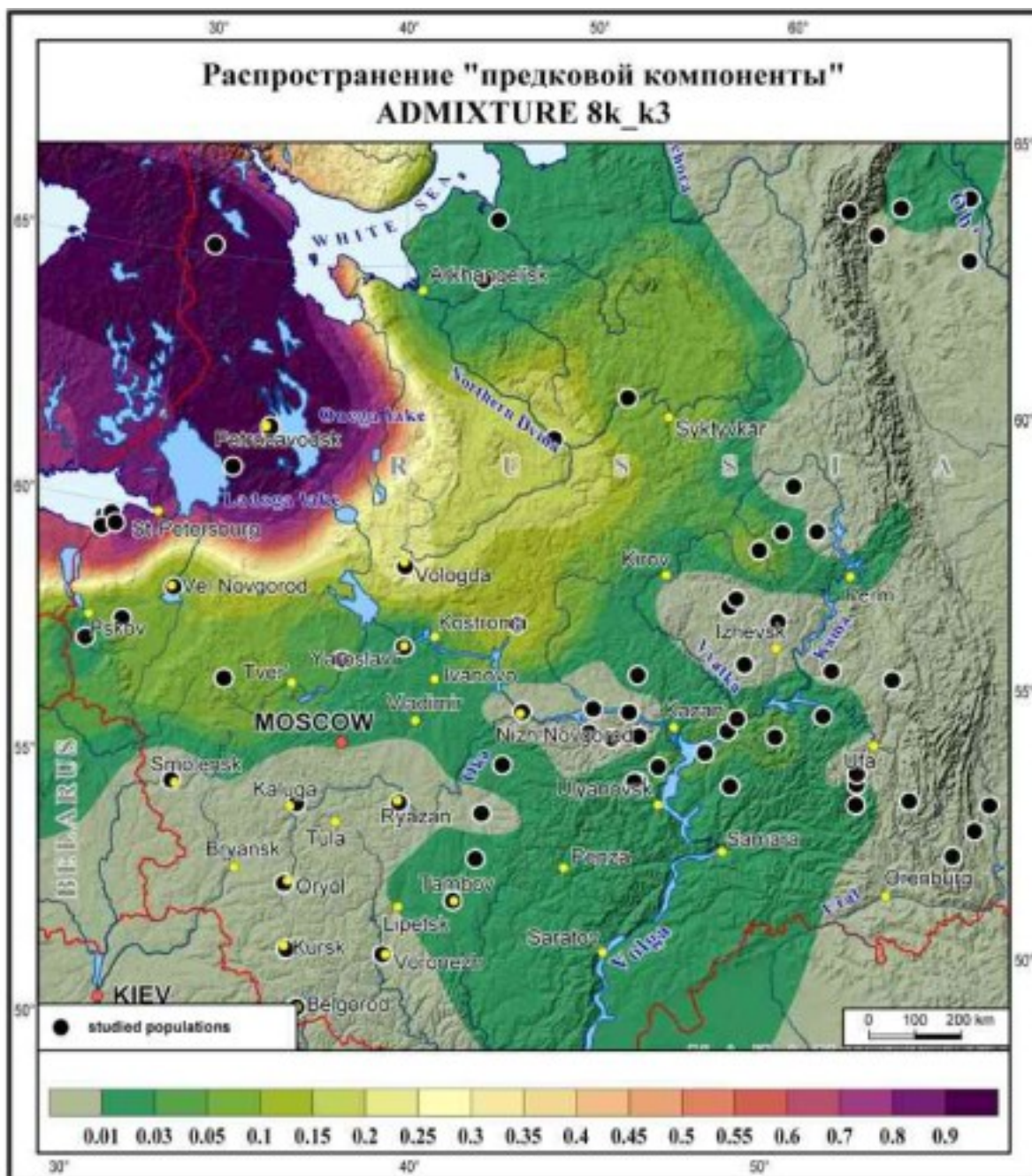


Рис.4. Распространение условно «карельской» предковой компоненты ADMIXTURE (при $k = 14$ предковых компонент). Высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие — зелеными, отсутствие — серым цветом, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

Далее исследователи обращаются к данным по генофонду других народов, чтобы посмотреть, какие из них проявили сходство с «новгородской» предковой компонентой. Из всех обследованных народов европейской части России наиболее значительный след «новгородской» предковой компоненты обнаружен у коми-пермяков — в 80% изученных геномов она составляет в

среднем 20%. Таким образом, из всех современных народов европейской части России и Урала именно коми-пермяки оказываются наиболее близки к генетической общности новгородской и ярославской популяций.

В итоге, авторы выдвинули гипотезу, что древний генетический пласт Новгородчины восходит к генофонду ильменских словен, который, в свою очередь, унаследовал многие генетические черты местного дославянского населения, генетический портрет которого более тяготеет к востоку (волжским и пермским финно-язычным группам), чем к западу (прибалтийским финно-язычным группам).

Источник:

Балановская Е.В., Черневский Д.К., Балановский О.П. Своеобразие Новгородского генофонда в контексте народонаселения европейской части России // Вестник Новгородского государственного университета. Сер.: Медицинские науки. 2021. № 3. С. 51-57. DOI: 10.34680/2076-8052.2021.3(124).51-57.

Статью можно скачать в [Библиотеке сайта](#)