

ПРОИСХОЖДЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЛИНИИ РЮРИКОВИЧЕЙ: НЕЗАВИСИМОСТЬ ОТ “НОРМАНСКОЙ ПРОБЛЕМЫ”

Ключевые слова: Рюриковичи, Русь, происхождение, генетическая генеалогия, популяционная генетика, гаплогруппа, Y-хромосома

Статья содержит полемику с выводами Г.В. Дзибеля об этимологии этнонима “русь” и происхождении рода Рюриковичей. Согласно данным генетики, большинство современных представителей этой династии восходят к общему биологическому предку, жившему около 1000 лет назад, что согласуется с летописной датировкой основателей рода. В статье рассматривается вопрос о миграциях носителей этой Y-хромосомной линии на протяжении трех тысячелетий: из-за Урала, затем через Восточно-Европейскую равнину, далее экспансия гаплогруппы N3a3 на восточные побережья Балтики, миграция части линий этой гаплогруппы вокруг моря в Скандинавию и возвращение морем только линии Рюриковичей обратно на восток Балтики. Важно, что эти миграции реконструируются по биологическим данным. “Западно-балтийская” гипотеза (скандинавское происхождение непосредственных предков Рюриковичей) основана на факте наличия ближайших родственных Рюриковичам генетических линий именно в Скандинавии; она согласуется и с летописными сведениями о происхождении этого рода. Поддерживаемая Г.В. Дзибелем “восточно-балтийская” гипотеза, наоборот, постулирует происхождение линии Рюриковичей и родственных линий на территориях к востоку от Балтики и миграцию последних (но не линии Рюриковичей) в Скандинавию. С точки зрения генетики “западно-балтийская” гипотеза больше соответствует имеющимся данным, но и “восточно-балтийская” не может быть однозначно отвергнута. Предварительные результаты изучения древней ДНК ранних Рюриковичей указывают на то, что среди них могли быть носители и других генетических линий, а это, в случае подтверждения, осложнит предлагаемые сценарии происхождения. В ближайшие годы ожидается появление новых уточняющих данных относительно путей древних миграций носителей разных линий гаплогруппы N3a3, их современного распространения и древней ДНК Рюриковичей. Но в любом случае остается неясным, есть ли научные основания у традиции связывать происхождение правящего рода (биологический процесс) и происхождение государственности Древней Руси (исторический процесс).

Олег Павлович Балановский | <http://orcid.org/0000-0003-4218-6889> | balanovsky@inbox.ru | д. б. н., профессор РАН, руководитель лаборатории геномной географии | Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (ул. Губкина 3, Москва, 119991, Россия)

Исследование проведено при финансовой поддержке следующих организаций и грантов: РФФИ, <https://doi.org/10.13039/501100002261> [№ 20-09-00479]

*И стали все под стягом,
И молят: “Как нам быть?
Давай пошлем к варягам:
Пуškai придут княжить.
Ведь немцы тороваты,
Им ведом мрак и свет,
Земля ж у нас богата,
Порядка в ней лишь нет”.*
(Толстой А. К. “История государства Российского...”)

Работа Г. В. Дзибеля состоит из двух частей, связь между которыми не очевидна. В основной части предлагается новая этимология этнонима “русь” (как перевода самоназвания шведов славянским словом “родичи”, до приобретения своей финальной формы прошедшим через финноязычную среду). В дополнительной части рассматриваются данные современной генетики о происхождении рода Рюриковичей.

Я – генетик, не лингвист, не историк. Поэтому мое мнение по основному предмету статьи вряд ли имеет значение. Отмечу лишь, что по мере чтения текста мое отношение к нему резко изменилось: от суждения о надуманности такой этимологии к рассмотрению ее как возможной гипотезы. Повторюсь, что это ничего не говорит о достоинствах или недостатках самой идеи – но может свидетельствовать о том, что ей суждено занять свое место в умах если не специалистов, то подобных мне коллег, представляющих смежные дисциплины.

В своем тексте я рассмотрю вопрос, затронутый в дополнительной части статьи Г. В. Дзибеля: представлю современные генетические данные о происхождении рода Рюриковичей, проанализирую их трактовку Г. В. Дзибелем, предложу спектр возможных гипотез биогеографического происхождения Рюриковичей с оценкой их обоснованности, а в заключение вернусь к вопросу о несвязанности предметов изучения, рассмотренных в разных частях статьи, – несвязанности происхождения “руси”, Руси и Рюриковичей, т. е. этнонима, государства и правящего рода.

Факты о генетике Рюриковичей

Популяционная генетика, как и предшествовавшая ей физическая антропология, давно стала одним из исторических источников. По меткому выражению М. В. Витова, обе они “предоставляют историку чрезвычайно обильный и многочисленный, но однообразный и односторонний материал” (Витов 1997) – эти науки говорят почти исключительно о демографии. Это понятно, ведь из всего многообразия исторических процессов биология может описать лишь те, что оставили отпечаток в населении, т. е. отразились в демографических характеристиках. Таким образом, речь идет в основном о миграциях – о них генетика может сказать немало: об их интенсивности (которую обычно трудно оценить по другим историческим источникам), об их направлении и – хотя и с невысокой точностью – об их датировках.

Генетическое исследование рода Рюриковичей описано в статье Г. В. Дзибеля кратко, но верно. Не буду повторяться, добавлю лишь, что оно проведено почти исключительно генетическими генеалогами. (Насколько мне известно, я единственный профессиональный генетик, участвовавший на некоторых этапах этой работы, но моя роль сводилась к консультированию и порой технической или организационной помощи – не к дизайну исследования и не к проведению основной работы.) А генетическая генеалогия – это очень молодая научная дисциплина, находящаяся в стадии бурного роста, которая пока не оформилась в системе мировой академической науки и поэтому считается любительской. Мне, правда, не нравится оттенок пренебрежения, звучащий в слове “любительская”, – многие генетические генеалоги глубоко знают свой предмет, – я предпочитаю говорить “гражданская наука”

(калька с *citizen science*) (Balanovsky et al. 2017). Неакадемический характер генетической генеалогии не мешает ей пользоваться авторитетом среди профессиональных ученых, к примеру, ими признается такой источник по филогенетике Y-хромосомы, как сайт Международного общества генетической генеалогии (ISOGG). Но это приводит к тому, что исследования Рюриковичей до сих пор представлены в виде публикаций в интернет-журналах, материалах конференций и т.п. (Максимов 2006; Волков 2012; Volkov, Soslavin 2019), но не в виде полноценной научной статьи в авторитетном международном журнале, как принято у генетиков. Все сказанное ничуть не умаляет значимости и достоверности полученных результатов, а лишь указывает на некую незавершенность исследования, поскольку как раз в процессе подготовки итоговой статьи и ее рецензирования уточняются многие детали. Один из вопросов, возникающих к этому исследованию со стороны профессиональных генеалогов (не генетических): кем именно был представлен тот или иной княжеский род (кто именно из Кропоткиных, Шаховских и т.д. был обследован) (Пчелов 2016)? Дело в том, что в смысле классической генеалогии и разные рода Рюриковичей, и разные ветви в пределах родов имеют различную достоверность принадлежности к Рюриковичам. Ответить на этот вопрос прямо исследователи не могут, поскольку они связаны требованиями конфиденциальности: они могут опубликовать лишь фамилию обследованного, другие же его персональные данные указывать не имеют права. Эта (как и любая техническая) проблема может и должна быть решена при подготовке итоговой статьи. Пока же отмечу, что такого рода сомнения никак не могут снизить достоверность результатов. Ведь если кто-то из обследованных людей в действительности не относится к Рюриковичам, то его Y-хромосома будет отличаться. Такие случаи действительно обнаружены, но их немного, большинство же протестированных представителей княжеских родов имеют один и тот же вариант Y-хромосомы. А если бы многие обследованные были «генеалогически недостоверными» Рюриковичами, то просто не был бы получен результат, свидетельствующий о наличии у них общей генетической линии.

Наиболее подробно генетическое исследование Рюриковичей описано в работах томского историка и генетического генеалoga В.Г. Волкова (Волков 2012; Volkov, Soslavin 2019). Не повторяя деталей, отметим главный факт: большинство обследованных представителей княжеских родов Рюриковичей имеют одну и ту же линию Y-хромосомы, относящуюся к гаплогруппе N3a3. Более того, время жизни общего предка, рассчитанное методом молекулярных часов, – около 1000 лет тому назад (с погрешностью в два-три столетия). Таким образом, Рюриковичи действительно происходят от общего предка, жившего примерно в то же время, что и легендарный Рюрик. Генетика ничего не может сказать о том, как звали этого биологического предка или на каком языке он говорил, но может попробовать реконструировать территорию его происхождения.

Распространение гаплогруппы N3a3 показано на Рис. 1. Впервые карта этой гаплогруппы была опубликована в статье с моим участием (Ilumäe et al. 2016), а на Рис. 1 приводится ее уточненный вариант, включающий полученные с тех пор нашим коллективом данные о частотах N3a3 в ряде других популяций. Видно, что эта гаплогруппа очень часто встречается на восточном побережье Балтийского моря (почти у каждого третьего), но также она распространена в Финляндии и Скандинавии.

Для понимания фактов и гипотез о территории происхождения биологического предка Рюриковичей необходимо уточнить: линии Y-хромосомы – это генеалогические цепочки реально существовавших мужчин. Довольно часто (в среднем раз в четыре поколения [Fu et al. 2014; Helgason et al. 2015; Balanovsky et al. 2015; Balanovsky 2017]) происходят мутации, поэтому мой потомок через 20 поколений будет обладать моим вариантом Y-хромосомы, но к нему добавится около пяти мутаций. Эти линии ветвятся: у одного сына возникла мутация, у другого – нет, и далее во времени

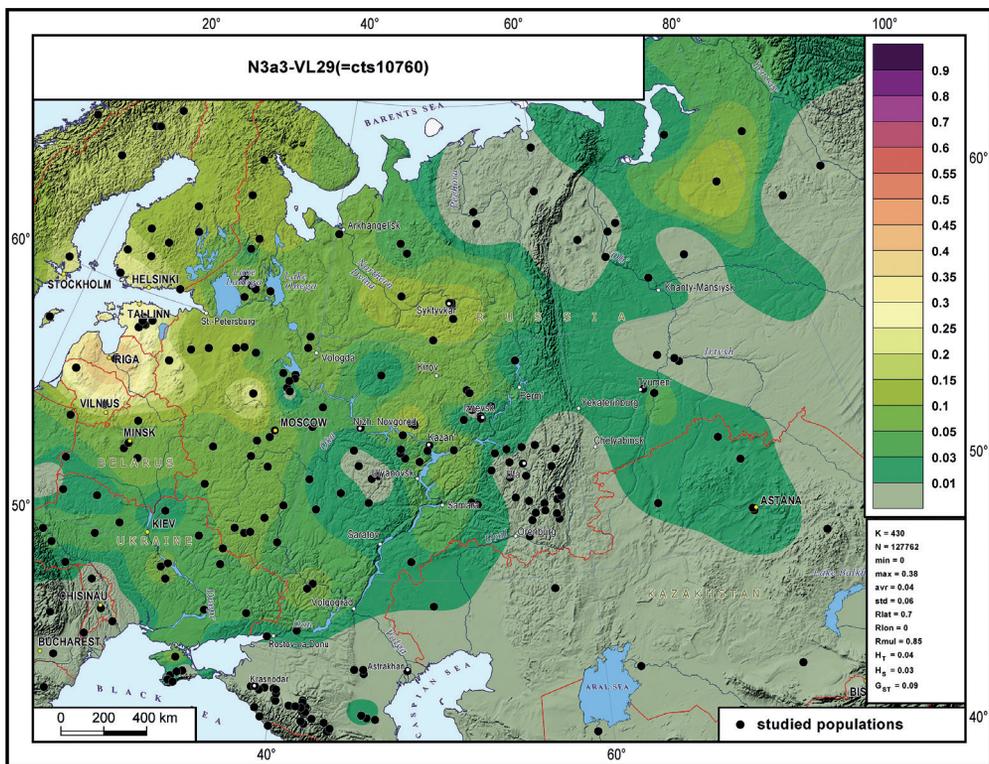


Рис. 1. Распространение гаплогруппы N3a3 (CTS10760) в современном населении Европы. Частота в коренном населении на каждой территории показана цветом согласно шкале

существуют обе эти линии, а новые мутации создают новые ответвления. Собственно, все человечество представляет собой огромное разветвленное дерево Y-хромосом, происходящее от единственного мужчины, жившего сотни тысяч лет назад в Африке. Для рассмотрения вопроса о Рюриковичах нет смысла идти глубже гаплогруппы N3a3, зато имеет смысл рассмотреть разные ветви этой гаплогруппы.

На Рис. 2 представлена вся цепочка мутаций, произошедших с момента жизни общего предка всех N3a3 и до общего предка всех Рюриковичей (порядок ветвления дан согласно сайту Yfull). Всем мутациям дают имена, состоящие из буквенной части (идентификатор научного коллектива, открывшего мутацию) и номера мутации. Например, первая мутация на дереве N3a3–CTS10760 – была открыта коллективом под руководством Chris Tyler-Smith (CTS) и была 10760-й из числа открытых им мутаций. На рисунке кроме перечня поочередно происходивших мутаций показаны примерные датировки их возникновения. Существует множество равноправных линий, но на рисунке нельзя уместить их все, поэтому показана лишь линия, ведущая к предку Рюриковичей, без многочисленных ответвлений (полностью все ветви N3a3 можно посмотреть на сайте “Службы интерпретации последовательности Y-хромосомы” [Yfull], где дерево постоянно уточняется).

Напомним, что каждая мутация происходила у реального человека, а значит, не только в конкретное время, но и на конкретной территории. Задача, таким образом, состоит в том, чтобы положить это дерево на карту. Для удобства выделяется пять основных мутаций, маркирующих ключевые этапы генетической истории этой линии: CTS10760, L550, Y4339, Y10932 и сама Y10931. И чтобы решить вопрос о территории

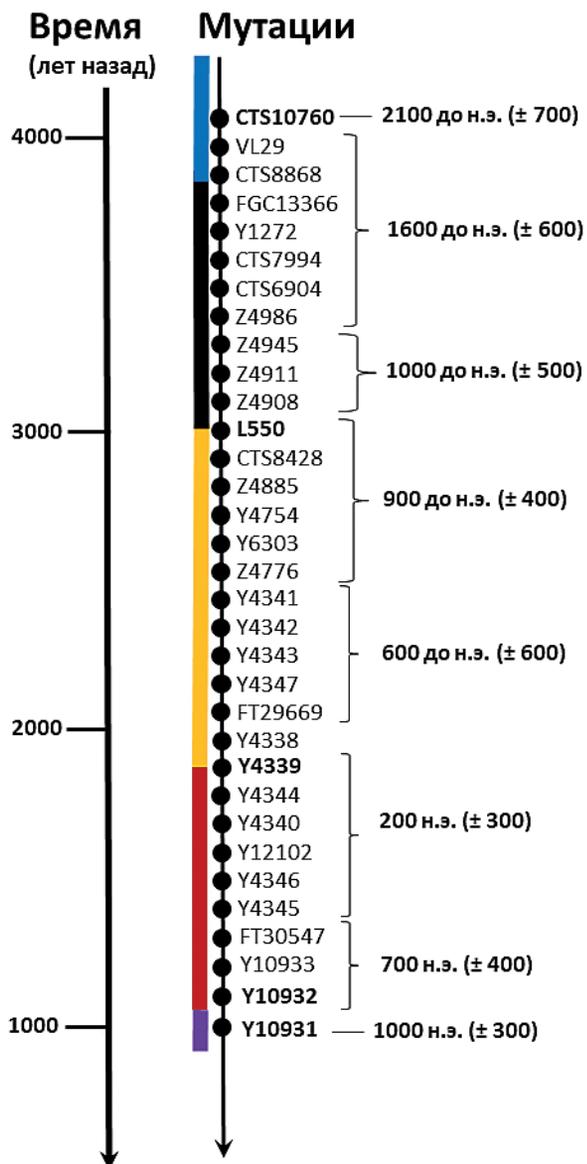


Рис. 2. Хронологическая последовательность мутаций на Y-хромосоме на протяжении 3 тыс. лет в генетической линии, ведущей к Рюриковичам.

Слева приведена ось времени, справа — последовательность мутаций.

Фигурными скобками показаны группы мутаций, для которых очередность внутри группы пока не известна. Цветные отрезки выделяют блоки мутаций, важные для изложения и соответствующие стрелкам на Рис. 4

происхождения предка Рюриковичей (а значит, и о его вероятной этногеографической принадлежности), нужно лишь определить, где произошла каждая из этих пяти мутаций, а главное — две последние.

Что касается первой мутации, то у специалистов сомнений нет: гаплогруппа N3a3 относится к кусту гаплогрупп, пришедших в Европу из-за Урала (*Illumäe et al.* 2016). Хотя не вполне ясно, на каком участке маршрута произошла первая мутация CTS10760 — еще за Уралом или между Уралом и Волгой, — но это явно случилось еще до того, как носители гаплогруппы достигли берегов Балтики (что подтверждается существованием между Прибалтикой и Уралом ранних ответвлений N3a3, задержавшихся на миграционном пути).

Все остальные мутации, включая L550, происходили в Балтийском регионе (поскольку их носители выявлены только там), но неясно, где именно возникла каждая мутация: к востоку или к западу от Балтийского моря. А в отношении предка Рюриковичей как раз важно установить, был он родом из Скандинавии или из Восточной Прибалтики, плавно перетекающей в будущие новгородские земли. Понятно, что носители N3a3 должны были сначала появиться к востоку от Балтики, да и частота этой гаплогруппы в современном населении выше на востоке (см. Рис. 1) — но это может служить лишь косвенным доказательством.

О месте возникновения мутации Y4339 мы можем судить по географии ее современных носителей (см. Рис. 3; карта составлена В.Г. Волковым [*Volkov, Seslavin* 2019]): это весь Балтийский регион, но большинство образцов происходят из Швеции, а остальные выглядят выплесками из этого ядра.

Распространение предпоследней мутации Y10932 тоже связано, скорее всего, со Швецией, хотя статистически не столь убедительно (эта гаплогруппа до сих пор встречена, кроме Рюриковичей, только у трех других обследованных, из которых один неизвестного происхождения, а двое — шведы).

Наконец, последняя мутация Y10931 обнаружена только у князей Рюриковичей (в том числе у человека, который официально Рюриковичем не является, но его семейное предание гласит о внебрачном происхождении от представителя этого рода; генетика, таким образом, подтвердила предание). Рюриковичи распространены широко, и причины этого хорошо известны из русских письменных исторических источников, но само распространение ничего не говорит о корнях этого княжеского рода — их приходится реконструировать по происхождению предшествующих мутаций Y4339 и Y10932.

Нужно пояснить, что есть два источника сведений о распространении Y-хромосомных линий: данные академической науки (популяционная генетика) и данные гражданской науки (генетическая генеалогия). Первые основаны на качественно собранных выборках (обычно это коренное сельское население конкретного региона), поэтому позволяют определить частоту встречаемости линий Y-хромосомы, и результаты, полученные разными авторами, прямо сопоставимы друг с другом. Карта на Рис. 1 построена как раз по данным популяционной генетики, и мы видим надежную картину географии гаплогруппы N3a3 в целом. Но, увы, пойти глубже, изучить распространение отдельных линий мы не можем, поскольку большинство академических исследований основано на ограниченной панели изучаемых мутаций. Данные генетической генеалогии имеют противоположный характер: они базируются на полном секвенировании Y-хромосомы и поэтому позволяют проследить ее линию сколь угодно глубоко, но сами выборки не столь надежны. В эти выборки попадают люди, которые сами оплатили изучение своей Y-хромосомы. Поэтому, во-первых, место происхождения их предков зачастую не известно и, что типично для городского населения, вовсе не обязательно совпадает с местом нынешнего проживания семьи, во-вторых, генеалогические базы данных отмечают лишь факт наличия конкретной линии на конкретной территории, но по ним трудно оценить частоту линии на этой территории.



Рис. 3. Географическое распространение генетических линий, родственных линии Рюриковичей. Разные ветви внутри Y4339 показаны разным цветом

Поэтому данные по разным странам плохо сопоставимы друг с другом: экономически более развитые страны или те, где анализ своей ДНК более популярен, представлены в генетико-генеалогических базах на порядок лучше других. Карта на Рис. 3 построена как раз по сведениям, полученным генетическими генеалогами, и поэтому нельзя исключать, что обнаруживаемая на карте большая распространенность Y10932 в Швеции, чем в России, лишь отчасти отражает реальность, а отчасти объясняется тем, что Швеция лучше представлена в генетико-генеалогических базах.

Поэтому, чтобы точнее выяснить распространение Y-хромосомных линий, надо взять лучшее из обоих методов: из популяционно-генетического – надежность выборок, из генетико-генеалогического – глубину Y-хромосомного анализа. Лаборатория, которой я руковожу, сейчас ведет массовые исследования на основе именно такого подхода, в том числе мы изучаем собранные в группах коренного населения по всей России почти 400 образцов гаплогруппы N3a3 – каждый относим к одной из 30 конкретных линий внутри N3a3. На момент написания этой статьи получены результаты лишь по первой сотне образцов. Мы обнаружили одного носителя линии Y10931 и ни одного других линий в пределах Y4339. Это согласуется со скандинавским происхождением Y4339, но согласуется предварительно: во-первых, пока мала выборка, а во-вторых, отсутствие в России не означает отсутствия на других территориях к востоку от Балтики. Забавно, что этот единственный носитель генетической линии Рюриковичей, обнаруженный при скрининге российских популяций, по национальности эвенк. Причем эвенками считали себя и его отец, и дед по отцовской линии, а значит, эта генетическая линия европейского происхождения вошла в популяцию эвенков более 100 лет назад. В лаборатории мы зовем этого эвенка “потомком декабристов”, хотя, строго говоря, он вполне может являться потомком переселенца-крестьянина, который, в свою очередь, является биологическим отпрыском одного из княжеских родов.

Резюмируя сказанное, отмечу, что точно установлены следующие факты о генетике Рюриковичей:

1. Большинство современных Рюриковичей являются биологическими родственниками по прямой мужской линии; они несут Y-хромосомную линию Y10931, являющуюся одной из многих линий в пределах гаплогруппы N3a3.

2. Возраст этой линии, оцененный генетическими методами, составляет около 1000 лет (плюс-минус пара столетий), что согласуется с летописными данными о времени жизни Рюрика.

3. Гаплогруппа N3a3 прошла длинный путь миграций от Урала до территорий вокруг Балтики, где разделилась на множество линий; причем линии, наиболее родственные Y10931, распространены в основном к западу от Балтийского моря (в Скандинавии), но изредка встречаются и к востоку от него.

На этом заканчиваются факты и начинаются гипотезы о месте возникновения линии Y10931.

Гипотезы, объясняющие факты

Y-хромосомная линия Y10931 и ближайшие к ней линии достаточно редки, они описаны лишь у нескольких десятков образцов, а при такой нехватке данных можно предложить целый ряд не противоречащих фактам гипотез. Однако, если не умножать сущности без необходимости, то я бы выделил лишь две из них, и обе уже представлены в научной литературе. Первой придерживается большинство генетических генеалогов, проводивших исследования Рюриковичей: Y10931 выделилась из пула линий гаплогруппы N3a3, существовавших в Скандинавии, и ее носители мигрировали на восток от Балтики. Альтернативную гипотезу поддерживает Г.В. Дзибель, он считает, что Y10931 выделилась к востоку от Балтики и там и осталась, но часть родственных ей линий мигрировала на запад от Балтики. (Замечу в скобках, что сходные утверждения можно найти в интернете у любителей фолк-хистори и ДНК-генеалогии – сторонников славянского происхождения Рюрика. Но столь “неприятное соседство” не может быть научным аргументом против гипотезы Г.В. Дзибеля, тем более что его собственная работа являет собой противоположный пример – пример взвешенного научного, а не ангажированного рассмотрения этих вопросов.)

На Рис. 4 наглядно представлены обе эти гипотезы. Вся цепочка мутаций, ведущая к линии Рюриковичей (см. Рис. 2), схематично отражена на карте. Вначале обе гипотезы “согласны” между собой, но потом – по западно-балтийской версии – миграции (Рис. 4А) предположительно образуют кольцо вокруг Балтики, а по восточно-балтийской (Рис. 4Б) – линия, ведущая к Рюриковичам, остается на востоке, но на запад мигрирует ряд родственных линий.

Преимущество западно-балтийской гипотезы в том, что она отлично согласуется со всеми имеющимися данными и не требует каких-либо дополнительных допущений. А в качестве ее недостатка можно отметить длинный путь миграций.

К достоинствам восточно-балтийской гипотезы можно отнести постулирование более короткого пути миграций (линии, ведущей к Рюриковичам, не надо пересекать/огигать Балтийское море), а также то, что представленность Y4339 в Швеции может быть результатом обилия данных по шведам (слабое место западно-балтийской гипотезы). Среди ее минусов (а их больше, чем в первом случае) можно выделить следующие:

— отсутствие Y10932 и других линий Y4339 к востоку от Балтики объясняется объяснительно ошибкой: либо неточностью имеющихся данных, либо их исчезновением в результате генетического дрейфа (но непонятно, почему дрейф на востоке должен быть сильнее, чем на западе);

— постулируется миграция на запад сразу нескольких линий (все ветви внутри Y4339), а одновременная миграция нескольких линий менее вероятна, чем одной;

— если добавить к чисто биологическим еще и исторический аргумент, то исчезает единственное преимущество восточно-балтийской гипотезы: она “не требует” миграций

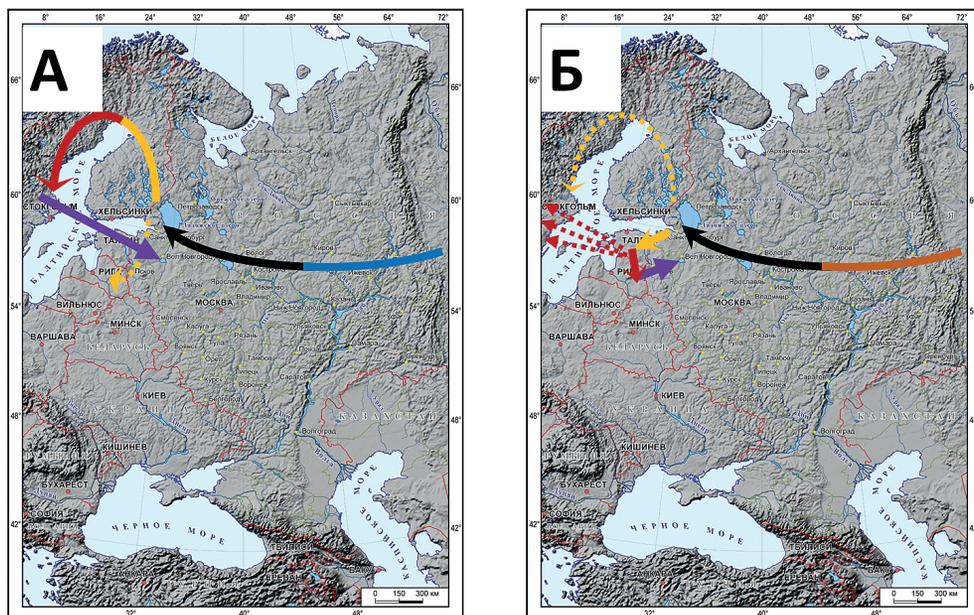


Рис. 4. Миграции Y-хромосомной линии, ведущей к линии Рюриковичей, на протяжении 3 тыс. лет: **А** – согласно “западно-балтийской гипотезе”; **Б** – согласно “восточно-балтийской гипотезе”. (Цвета стрелок соответствуют блокам мутаций на Рис. 2)

скандинавов на восток. Но как раз наличие этих миграций не вызывает сомнений, ведь на рубеже тысячелетий норманны активно перемещались по всей Европе, не исключая и восточного направления. А раз ветра миграций на Балтике в этот период были преимущественно западными (что подтверждается и генетически [Margaryan et al. 2020]), то это является дополнительным аргументом в пользу западно-балтийской гипотезы.

Подчеркну, что во всех этих рассуждениях никак не используются исторические источники о призвании варягов, скандинавском влиянии и т.п. Ведь как раз желание проверить точность этих источников с помощью генетических данных является первопричиной внимания к биогеографическому происхождению рода Рюриковичей.

Итак, гипотеза скандинавского происхождения биологического предка Рюриковичей является наиболее хорошо обоснованной с позиции имеющихся данных о генетике современного населения.

Древняя ДНК

В современной популяционной генетике используются два подхода для реконструкции генетической истории: анализ современных генофондов и анализ древней ДНК. В первом случае исследователь использует ретроспективный метод: выдвигает гипотезы, затем продумывает, каким должен быть современный генофонд, если построенные в рамках этих гипотез модели верны, и сравнивает прогноз с реальностью. Анализ древней ДНК (выделенной из останков людей, живших тысячи лет назад) позволяет напрямую “узнать” генофонд былых эпох. У этого подхода тоже много проблем, одна из которых – малочисленность и фрагментарность данных. Тем не менее последние несколько лет принято называть революционным периодом в развитии популяционной генетики человека; прорыв, произошедший благодаря древней ДНК, повлиял и на многие смежные науки, в первую очередь на археологию.

Попытки изучить древнюю ДНК Рюриковичей ведутся уже много лет. Наиболее известный пример — выяснение журналистом Н. Максимовым того, где же находятся останки Ярослава Мудрого и как их можно получить для генетического анализа (им же изучены и многие современные Рюриковичи). Мне были переданы для исследования образцы ряда других князей, включая представителя первых поколений Рюриковичей, и анализ их ДНК ведется в настоящее время. Пока получены лишь предварительные данные секвенирования с низким покрытием. Они удивляют, поскольку выявляют не одну, а разные гаплогруппы: если принять на веру эти предварительные данные, то получилось бы, что многие средневековые Рюриковичи не были биологическими родственниками ни современному Рюриковичам, ни даже друг другу. Это было бы странно, поскольку противоречило бы как надежным данным по современным Рюриковичам, так и опыту генетического изучения других родов (традиционные генеалогии чаще подтверждают, чем опровергаются генетикой [*Balanovsky et al.* 2015; *Жабалин* 2017; см. также планируемую к печати статью группы авторов]). Поэтому я надеюсь, что эти предварительные данные секвенирования с низким покрытием не подтвердятся при получении финальных результатов, основанных на секвенировании с покрытием, достаточно высоким для уверенного определения Y-хромосомной линии. Впрочем, вполне надежные результаты другого недавнего исследования (*Margaryan et al.* 2020) тоже выявили две иные гаплогруппы (не N3a3) у двух изученных Рюриковичей XI и XIII вв. Пишу здесь об этом с одной целью: показать, что исследование древней ДНК Рюриковичей возможно, оно уже ведется и нельзя исключать, что древняя ДНК преподнесет свои сюрпризы и в вопросе о происхождении Рюриковичей, как это случилось при изучении происхождения древних популяций.

* * *

Если существовал скандинав Рюрик, пришедший тысячелетие назад на земли восточных славян и основавший там правящий княжеский род, то должна была бы наблюдаться точно такая же генетическая картина, какая наблюдается в действительности. Это не означает, что такая же картина не могла возникнуть при других сценариях, но все же совпадение генетических данных с летописной историей впечатляет. Рассмотрение всех имеющихся сведений показывает, что при существующих на настоящий момент генетических данных скандинавское (к западу от Балтийского моря) происхождение биологического предка Рюриковичей является более вероятным, чем альтернативный сценарий его происхождения — с территорий к востоку от Балтийского моря. Отмечу, что — хотя это прекрасно согласуется с возведением русских князей к скандинавам в летописях — наш вывод основан только на генетических данных. При этом четкое формулирование и отстаивание альтернативной гипотезы — хотя и менее вероятной, но возможной — является, на мой взгляд, достоинством работы Г.В. Дзибеля.

В будущем появятся новые генетические данные. Во-первых, значительно уточнится филогеография гаплогруппы N3a3 благодаря как академическим исследованиям (прежде всего Эстонского биоцентра, интенсивно работающего в этом направлении), так и изысканиям генетических генеалогов (уточнение древа Yfull). Во-вторых, проведение в полном объеме нашего скрининга на мутации внутри N3a3 даст точные сведения о распространенности на территории России многих линий, включая Y4339 и Y10932. И, в-третьих, можно надеяться на получение качественных данных по древней ДНК Рюриковичей. В результате вывод о скандинавском происхождении биологического предка Рюриковичей может быть как подтвержден, так и опровергнут.

Наконец, мне хотелось бы вернуться к двусоставности работы Г.В. Дзибеля: подчеркнут, что автор рассматривает и происхождение этнонима “русь”, и происхождение правящего рода Рюриковичей. А интерес к этим двум обсуждаемым в статье вопросам обусловлен еще одним (третьим) — происхождением государственности Древней Руси. Но почему эти три вопроса — происхождение государства, происхождение его названия

и происхождение правителей — вообще связываются вместе? Понятно, что такова историографическая традиция, восходящая к М.В. Ломоносову, но если оказывается, что традиция не имеет под собой оснований, не нужно ли это признать? Ведь лишь в этой традиции коренится многолетняя полемика норманизма и антинорманизма.

Конечно, в этом вопросе я не объективен: мне близка позиция Л.С. Клейна (*Клейн* 2009), утверждающего, что норманизма не существует (поскольку скандинавское происхождение варягов на Руси — научный факт, а приписываемые норманизму утверждения о неспособности славян создать свою государственность никем из норманистов не заявлялись), а антинорманизм существует не как научная, а как идеологическая концепция. И конечно, не мне — генетику — решать, имеет ли под собой основания традиция, освященная тремя столетиями российской историографии. Но я решил воспользоваться приглашением принять участие в этой дискуссии, чтобы задать один исторический вопрос и дать одно генетическое пояснение.

Вопрос: правомочно ли особенности государства объяснять биологическим происхождением его правителя? К примеру, можно ли то, что в российской истории был такой трагичный период, как период правления И.В. Сталина, объяснять грузинским (точнее, осетинским) происхождением вождя? А если нет, то почему особенности древнерусского государства должны быть хоть как-то связаны с происхождением его князей? Ведь, как указывается в вынесенном в эпиграф фрагменте из произведения А.К. Толстого, ключевая особенность русского государства оставалась неизменной и до призвания варягов, и на протяжении всей последующей истории.

Пояснение: найденная у Рюриковичей генетическая линия была сначала распространена среди финно-угров, потом среди скандинавов, потом среди русских князей, а сегодня встречена и у эвенков. Очевидно, что эта генетическая линия вплеталась в живую ткань самых разных народов, населявших самые разные государства. И это не исключение, а общая судьба любой Y-хромосомы. В нашей области науки используется образ “тены — щепки в потоке истории”, поскольку они могут показать наблюдателю лишь направление потока, но ничего не могут изменить в его течении.

Благодарности

Исследование выполнено в рамках Государственного задания для Медико-генетического научного центра.

Настоящая статья была бы невозможна без самоотверженной работы В.Г. Волкова, Н. Максимова, А.Н. Сеславина и других, занимавшихся исследованием генетики Рюриковичей, а также без согласия живущих ныне Рюриковичей участвовать в этом исследовании.

Отдельно благодарю В.Г. Волкова за разрешение использовать составленную им карту, приведенную на Рис. 3.

Примечания

¹ Планируется к печати в 2021 г.: *Zhabagin M. et al. The Medieval Mongolian Roots of Y-chromosomal Lineages from South Kazakhstan // BMC Genetics.*

Источники и материалы

Максимов 2006 — Максимов Н. Финно-угрюриковичи // *Русский Newsweek.* 2006. № 50 (128). С. 68–69.

ISOGG — International Society of Genetic Genealogy. <http://isogg.org/tree/index.html> (дата обращения: 10.09.2020).

YFull — Y-Chromosome Sequence Interpretation Service. <http://yfull.com> <https://www.yfull.com/tree/N-CTS10760> (дата обращения: 20.09.2020).

Научная литература

Витов М.В. Антропологические данные как источник по истории колонизации Русского Севера. М.: ИЭА РАН, 1997.

- Волков В. Г. Все ли Рюриковичи происходят от одного предка? Происхождение Рюрика и Гедимины в свете последних генетических исследований // Генеалогия допетровского времени: источниковедение, методология, исследования / Отв. ред. А. В. Родионов. СПб.: РНБ, 2012. С. 11–40.
- Жабагин М. К. Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции. Автореф. дис. ... канд. биол. наук. Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва, 2017.
- Клейн Л. С. Спор о варягах. СПб.: Евразия, 2009.
- Пчелов Е. В. Каким образом исследуют генетику Рюриковичей и что из этого получается? // Генфонд.рф. 05.02.2016. http://xn--c1acc6aafalc.xn--p1ai/?page_id=7004
- Balanovsky O. Toward a Consensus on SNP and STR Mutation Rates on the Human Y-chromosome // *Human Genetics*. 2017. Vol. 136 (5). P. 575–590. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1805-8>
- Balanovsky O. et al. Deep Phylogenetic Analysis of Haplogroup G1 Provides Estimates of SNP and STR Mutation Rates on the Human Y-Chromosome and Reveals Migrations of Iranian Speakers // *PLoS ONE*. 2015. Vol. 10 (4): e0122968. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122968>
- Balanovsky O. et al. Phylogeography of Human Y-chromosome Haplogroup Q3-L275 from an Academic/Citizen Science Collaboration // *BMC Evolutionary Biology*. 2017. No. 18. <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0870-2>
- Fu Q. et al. The Genome Sequence of a 45,000-Year-Old Modern Human from Western Siberia // *Nature*. 2014. Vol. 514. P. 445–449.
- Helgason A. et al. The Y-chromosome Point Mutation Rate in Humans // *Nature Genetics*. 2015. Vol. 47 (5). P. 453–457. <https://doi.org/10.1038/ng.3171>
- Ilumäe A. M. et al. Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-Trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families // *AJHG*. 2016. Vol. 99 (1). P. 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- Margaryan A. et al. Population Genomics of the Viking World // *Nature*. 2020. Vol. 585 (7825). P. 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Volkov V. G., Seslavin A. N. Genetic Study of the Rurik Dynasty // Centenary of the Human Population Genetics. Conference Proceedings. Moscow 29–31 May 2019. M., 2019. P. 84–85.

Research Article

Balanovsky, O. P. On the Origins of the Genetic Lineage of the Rurikids as an Issue not Related to the “Normanist Problem” [Proiskhozhdenie geneticheskoi linii Riurikovichei: nezavisimost’ ot “normanskoi problemy”]. *Этнографическое обозрение*, 2021, no. 4, pp. 119–131. <https://doi.org/10.31857/S086954150016704-4> ISSN 0869-5415 © Russian Academy of Sciences © Institute of Ethnology and Anthropology RAS

Oleg Balanovsky | <http://orcid.org/0000-0003-4218-6889> | balanovsky@inbox.ru | Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences (3 Gubkin Str., Moscow, GSP-1, 119991, Russia)

Keywords

Rurikids, Rus’, origins, genetic genealogy, population genetics, haplogroup, Y-chromosome

Abstract

The article critically examines G. V. Dzibel’s arguments about the origin of ethnonym *Rus’* and the origins of the Rurikids dynasty. Most of the present-day representatives of this dynasty are believed to have a common biological ancestor who supposedly lived some 1000 years ago, which accords with historical chronicles. I address the question about movements of carriers of this Y-chromosome lineage during three millennia from the Ural area across the East European Plain, including the further expansion of the haplogroup N3a3 to the eastern coast of the Baltic Sea, migration of some subclades of the haplogroup to Scandinavia, and the subsequent return of the Rurikids to the area lying to the east of the Baltic Sea. The basis of the “Western Baltic” hypothesis, pointing to the Scandinavian origins of the Rurikids’ ancestors, is that it is in Scandinavia that we find the presence of genetic lineages that seem to be closest to the Rurikids. The “Eastern Baltic” hypothesis, which is favored by

G. V. Dzibel, argues, to the contrary, about the origin of the Rurikids in the areas to the east of the Baltic Sea. The “Western Baltic” hypothesis is more in line with the data available to us; however, the “Eastern Baltic” hypothesis cannot be rejected off-hand. The preliminary results of studying the DNA of early Rurikids show that there might have been carriers of other genetic lineages among them; if true, this will make the task of interpretation of the matter more complicated. In any case, it is still unclear to me whether connecting the origins of the ruling dynasty (a biological process) with the origins of statehood in ancient *Rus'* (a historical process) is scientifically warranted.

Funding Information

This research was supported by the following institutions and grants:

Russian Foundation for Basic Research, <https://doi.org/10.13039/501100002261> [20-09-00479]

References

- Balanovsky, O. 2017. Toward a Consensus on SNP and STR Mutation Rates on the Human Y-Chromosome. *Human Genetics* 136 (5): 575–590. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1805-8>
- Balanovsky, O., et al. 2015. Deep Phylogenetic Analysis of Haplogroup G1 Provides Estimates of SNP and STR Mutation Rates on the Human Y-Chromosome and Reveals Migrations of Iranic Speakers. *PLoS ONE* 10 (4): e0122968. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122968>
- Balanovsky, O., et al. 2017. Phylogeography of Human Y-chromosome Haplogroup Q3-L275 from an Academic/Citizen Science Collaboration. *BMC Evolutionary Biology* 18. <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0870-2>
- Fu, Q., et al. 2014. The Genome Sequence of a 45,000-Year-Old Modern Human from Western Siberia. *Nature* 514: 445–449.
- Helgason, A., et al. 2015. The Y-chromosome Point Mutation Rate in Humans. *Nature Genetics* 47 (5): 453–457. <https://doi.org/10.1038/ng.3171>
- Ilumäe, A.M., et al. 2016. Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-Trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *AJHG* 99 (1): 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- Klein, L.S. 2009. *Spor o variagakh* [The Varangians Controversy]. St. Petersburg: Evraziia.
- Margaryan, A., et al. 2020. Population Genomics of the Viking World. *Nature* 585 (7825): 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Pchelov, E.V. 2016. Kakim obrazom issleduiut genetiku Riurikovichei i chto iz etogo poluchaetsia? [How Is the Rurikids' Genetics Studied and What Comes Out of It?]. *Genofond.rf.* 05.02.2016. http://xn--c1acc6aafal1c.xn--plai/?page_id=7004
- Vitov, M.V. 1997. *Antropologicheskie dannye kak istochnik po istorii kolonizatsii Russkogo Severa* [Anthropological Data as a Source for the History of Colonization of the Russian North]. Moscow: IEA RAN.
- Volkov, V.G. 2012. Vse li Riurikovichi proiskhodiat ot odnogo predka? Proiskhozhdenie Riurika i Gedimina v svete poslednikh geneticheskikh issledovaniy [Do All Rurikids Descend from the Same Ancestor? The Origins of Rurik and Gediminas in the Light of Latest Research in Genetics]. In *Genealogiia dopetrovskogo vremeni: istochnikovedenie, metodologiia, issledovaniia* [Genealogy of the Pre-Peter-the-Great Times: Sources, Methods, Research], edited by A.V. Rodionov, 11–40. St. Peterburg: RNB.
- Volkov, V.G., and A.N. Seslavin. 2019. Genetic Study of the Rurik Dynasty. In *Centenary of the Human Population Genetics. Conference proceedings. Moscow 29–31 May 2019*, 84–85. Moscow, 2019.
- Zhabagin, M.K. 2017. Analiz svyazi polimorfizma Y-khromosomy i rodoplemennoi struktury v kazakhskoi populiatsii [An Analysis of the Connection between the Y-Chromosome Polymorphism and the Kin Structure of the Kazakh Population]. PhD diss. abstract, Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences.