Панорама народов на фоне Европы. Народы Северо-Восточной Европы (серия I)

Олег Балановский

Фрагмент из книги "Генофонд Европы"

Лицом к лицу
Лица не увидать.
Большое видится на расстоянии.

Сергей Есенин

Мы рассмотрели отражение лика генофонда Европы в трех зеркалах – Y-хромосомы, митохондриальной ДНК и аутосомного генома. Однако даже такое трехмерное отображение будет все же незаконченным, если мы от Европы в целом не обратимся еще и к ликам отдельных народов — к генетическим связям того или иного народа Европы со всем остальным европейским миром. Такое рассмотрение позволяет не только увидеть место того или иного этнического генофонда среди его ближних и дальних соседей. Оно дает больше – увидеть, как именно из отдельных паззлов складывается общая картина европейского генофонда. Может быть, это позволит разглядеть и пути истории в сложении этой общей картины. Для этой цели наиболее полезно зеркало Y-хромосомы: его информативность сопоставима с информативностью широкогеномных аутосомных панелей , а палитра изученных популяций – несравнимо богаче.

Генетический портрет отдельных народов на фоне всего европейского генофонда лучше всего обрисуют **карты генетических расстояний**. Они показывают, как генофонд данного народа вписывается в общую панораму народов Европы. Основываясь на всей совокупности гаплогрупп, карты генетических расстояния показывают для данного народа насколько он своеобразен, с кем он схож, от кого отличается, насколько далеко простираются его генетические связи с другими народами Европы и близлежащих регионов.

> Карты генетических расстояний создаются так. Сначала строится серия карт – для каждой гаплогруппы своя карта. Каждая карта представляет собой числовую матрицу — очень густую сетку, равномерно покрывающую все картографируемое пространство. В каждом из множества узлов сетки (на приводимых картах — почти 200 тысяч узлов сетки покрывают картографируемую территорию) записана частота данной гаплогруппы в данной географической точке. Затем выбирается интересующая нас группа популяций (она называется реперной) – скажем, поляки – от которой и будут рассчитываться генетические расстояний до каждого узла сетки (включая и ареал самих поляков). Также берутся средние частоты гаплогрупп у поляков – и для каждой точки Европы рассчитывается генетическое расстояние от этих частот у поляков до частот в данной точке карты. Этих данных достаточно, чтобы вычислить генетическое расстояние от частот гаплогрупп у поляков до частот гаплогрупп в каждой точке Европы. Эти генетические расстояния и наносятся на карту. Затем берем в качестве реперной популяции, например, сербов – и повторяем все те же действия с картами. И получаем карту генетического ландшафта, показывающего степень сходства Y-хромосомного генофонда сербов с Y-хромосомным генофондом каждой популяции Европы. И так для любой выбранной нами популяции — этноса или же субэтноса.

Однако, что делать с тем, что разные популяции изучены по разным наборам гаплогрупп? Конечно, при построении геногеографических карт интерполированные значения рассчитываются для каждой точки карты даже если опорных точек (непосредственно изученных популяций) немного. Но если мы хотим при построении карт генетических расстояний наиболее точно описать генофонд всех популяций по единой панели гаплогрупп , то панель гаплогрупп начинает сокращаться как шагреневая кожа. Нашим коллективом используется обширная панель SNP-маркеров (44 основных и 32 дополнительных гаплогрупп, а также еще 32 «новейших» гаплогруппы, как описано в разделе 1.3), и большинство популяций Восточной Европы нами изучены по этой широкой панели. Но чтобы равномерно представить на картах генетических расстояний все уголки Европы, на данном этапе изученности европейского генофонда эту панель, к большому сожалению, нам пришлось сократить до восьми основных европейских гаплогрупп - **E1b-M35**, **G-M201**, **I1-M253**, **I2a-P37**, **J-M304**, **N1c-M178**, **R1a-M198**, **R1b-M269**.

Дальнейшие исследования и массовый скрининг популяций Европы по субветвям этих гаплогрупп, открываемым благодаря полному секвенированию Y-хромосомы, позволит постепенно уточнять эти карты. Читая любую карту, надо помнить, что эта модель создана для объема информации, имеющейся на данном временном срезе: ограничен и массив популяций, и панель гаплогрупп. Поэтому важно обращать внимание не на детали рельефа, а на наиболее общие и устойчивые структуры генетического ландшафта.

Карты генетических расстояний могут быть построены для всех народов Европы. В данной монографии мы приведем не все, но многие — 36 карт генетических расстояний от 36 этносов и субэтносов Европы, наиболее важных для остальных глав книги. Эти 36 генетических ландшафтов объединены в шесть серий:

Серия 1: народы Северо-Восточной Европы (карелы и вепсы, эстонцы, коми ижорские, коми прилузские, литовцы, латыши, северные русские, финны);

Серия 2: восточные и западные славяне (русские центральные и южные, украинцы, белорусы, белорусы Полесья, поляки, кашубы, словаки, чехи, сорбы)**;**

Серия 3: неславянские народы Восточной Европы (башкиры, казанские татары, мишари, чуваши, мокша и эрзя);

Серия 4: на севере Балкан (молдаване, румыны, гагаузы, венгры, словенцы);

Серия 5: южные славяне (македонцы, сербы, хорваты, боснийцы, Герцеговина);

Серия 6: обрамление Европы (албанцы, шведы, ногайцы).

5.1. НАРОДЫ СЕВЕРО-ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ (СЕРИЯ I)

Эта серия включает восемь карт генетических расстояний — не только от генофондов этносов (карел и вепсов, эстонцев, латышей, литовцев и финнов), но и от отдельных субэтнических групп (коми ижемских, коми прилузских, Русского Севера). Почти все эти карты объединяет не только географический регион, но и сходство генетического ландшафта. При этом лингвистическая принадлежность этих народов поражает своей пестротой. Здесь есть и западные финноязычные народы (прибалтийско-финская ветвь финно-угорских языков) — карелы, эстонцы, финны; и восточные финноязычные коми (пермская ветвь финно-угорских языков); и славяне — северные русские; и балты – латыши и литовцы. И, тем не менее, их генофонды во многом схожи. Чтобы убедиться в этом, рассмотрим всю серию карт – восемь карт генетических расстояний от каждого из восьми реперных генофондов (рис. 5.2-5.9). А для того, чтобы видеть отличия каждой из восьми карт от обобщенного генетического ландшафта Северо-Восточной Европы, приведем среднюю карту генетических расстояний (рис. 5.1). Такой обобщенный ландшафт получен в результате простых арифметических действий с матрицами карт: суммированием всех восьми карт (для каждой точки карты были суммированы значения восьми карт гаплогрупп в этой точке) и делением полученной суммарной карты на восемь.

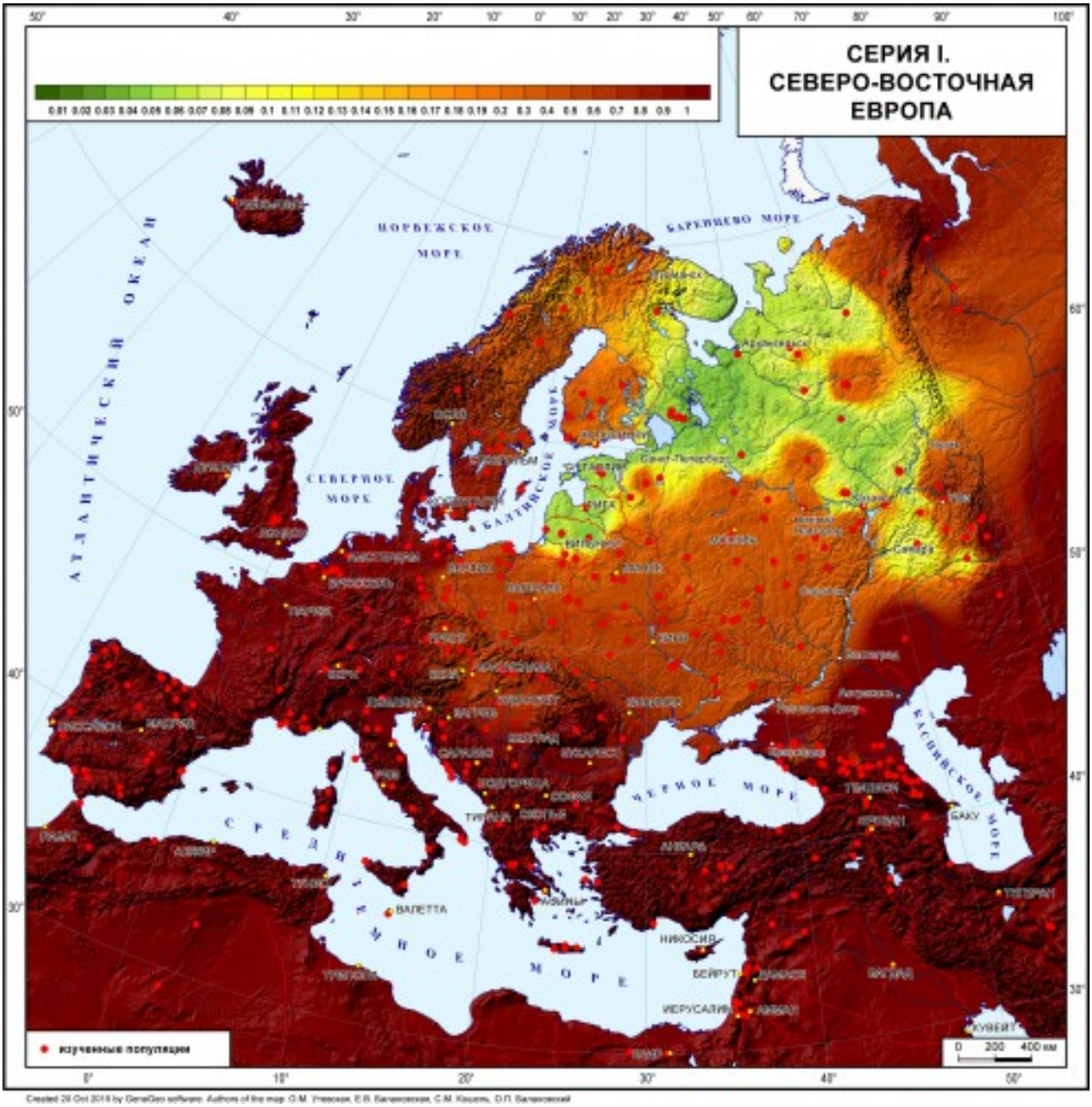

Рис. 5.1. Карта обобщенного генетического ландшафта Северо-Восточной Европы по гаплогруппам Y-хромосомы. (Усредненная карта генетических расстояний от вепсов и карел, коми ижемских, коми прилузских, латышей, литовцев, русских северных популяций, финнов, эстонцев).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ КАРЕЛ И ВЕПСОВ (рис. 5.2)

Основной ареал генофондов, сходных с карелами и вепсами (при расчете «реперных» частот Y-гаплогрупп наряду с данными о карелах и вепсах учтена также небольшая выборка ижорцев), очерчен географически четко (рис. 5.2). Наиболее генетически близкие популяции (то есть генетические расстояния до них от карел и вепсов наименьшие), окрашены интенсивно зелеными тонами. Это генетические расстояния в интервале $0<d<0.05$. Такие небольшие генетические расстояния обнаруживаются для популяций стран Прибалтики, Русского Севера и частично Приуралья. Несколько генетически более отдаленные популяции, окрашенные в светло-зеленые и желтые тона (генетические расстояния до них от карел и вепсов лежат в интервалах $0.05<d<0.10$), ненамного расширяют этот ареал. На севере он охватывает Белое море. На юге его граница удивительно четко проходит по левобережью Волги. На юго-западе эта граница проходит между Литвой и Беларусью. На юго-востоке она охватывает Татарстан и вдоль правобережья Волги опускается до Самары, на востоке ее ограничивает Кама, и далее граница следует почти строго на север по «камскому меридиану».

Важное отличие карты генетического ландшафта карел и вепсов от других карт данной серии мы обнаруживаем не на востоке,

а на северо-западе. Здесь область генетического сходства с карелами и вепсами не знает административных границ и пронизывает «желтым» коридором популяций, генетически все же схожих с карелами и вепсами (0.05<d<0.10) все страны Фенноскандии – Финляндию, Швецию и Норвегию.

Стоит отметить и то, что группа «оранжевых» интервалов (генетические расстояния от карел и вепсов d≈0.2), показывающая популяции генетически уже далекие, но все же еще не совсем чуждые генофонду карел и вепсов, охватывает значительную часть Фенноскандии, Восточной и Центральной Европы. При этом Западная и Южная Европа, Предкавказье, Прикаспийский регион и даже Зауралье генетически максимально далеки от генофондов карел и вепсов (интенсивно красные тона).

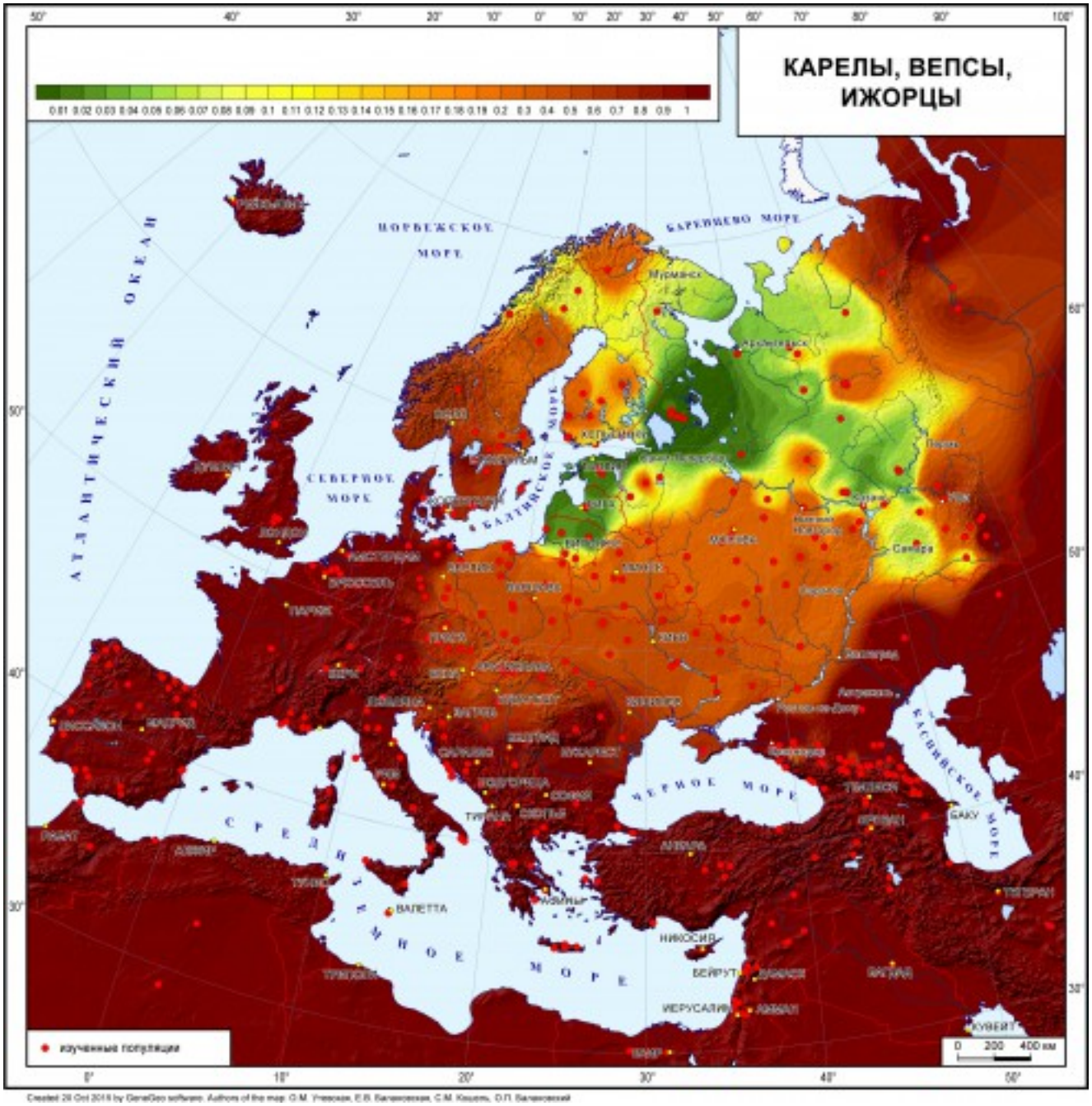

Рис. 5.2. Карта генетических расстояний от карел и вепсов (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ ЭСТОНЦЕВ (рис. 5.3)

Переходя к карте генетических расстояний от эстонцев (рис. 5.3), мы видим те же общие закономерности, что и на карте расстояний от карел и вепсов (рис. 5.2). Однако область генетически наиболее близких популяций, окрашенных интенсивно зелеными тонами (наименьшие генетические расстояния от эстонцев в интервале 0<d<0.05), расширяется и смещается восточнее. Генетически более далекие популяции, окрашенные в светло-зеленые и желтые тона (генетические расстояния от эстонцев в интервалах 0.05<d<0.10) охватывают еще больший ареал, местами заходя южнее и на правобережье Волги. В то же время северо-запад Европы — популяции Фенноскандии — генетически дальше от эстонцев, чем от карел и вепсов. Однако генетические ландшафты обеих карт (рис. 5.2 и 5.3) очень схожи, указывая на сходство генофондов всех трех народов.

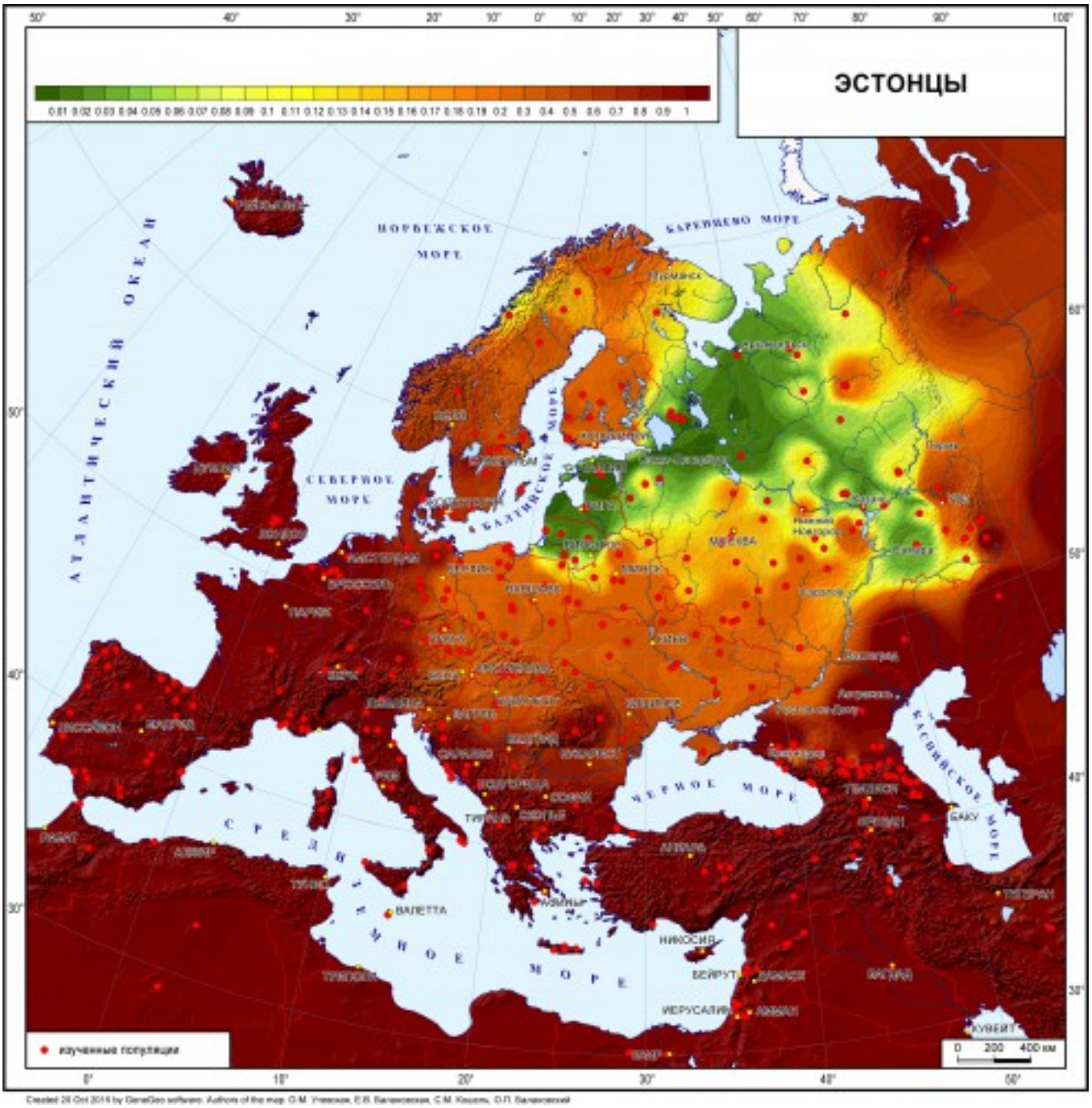

Рис. 5.3. Карта генетических расстояний от эстонцев (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ КОМИ-ЗЫРЯН (рис. 5.4 и 5.5)

Популяции коми традиционно подразделяют на две этнических общности – коми-зыряне и коми-пермяки, хотя у них общий

этноним, да и граница между их диалектами не совпадает с административной. Более южную общность составляют коми-пермяки, проживающие ныне в Пермском крае. Более северную общность — коми-зыряне, проживающие в Республике Коми (именно их часто называют просто коми). Истоки формирования коми относят ко II тыс. до н.э. в районе впадения в Волгу Оки и Камы. В ходе следующих веков общий ареал коми неуклонно расширялся на север, а под давлением новгородской колонизации смещался на восток. Коми расселялись по долинам крупных рек, ассимилируя различные группы более древнего населения – как прибалтийских финнов, так и другие уралоязычные группы, на что указывают данные топонимики.

Среди коми-зырян выделяют девять этнографических групп. Одна из них — коми-ижемцы (рис. 5.4), проживающие компактно в Ижемском районе на севере Республики Коми (в бассейне среднего течения Печоры и ее притоков) и занимающиеся – в отличие от других групп коми – кочевым оленеводством, которое они переняли от ненцев. Сложение этнографической группы коми-ижемцев относят к концу XVI века — в ее формировании приняли участие не только разные группы коми (вымские, удорские) и северные русские, но и ненцы. Основная масса коми-ижемцев относится к беломорскому антропологическому типу.

Другая этнографическая группа — прилузских коми (рис. 5.5) — проживает на другом — южном – конце ареала коми-зырян: на самом юге Республики Коми в бассейне Лузы и в верховье Летки, где граничит уже с Пермским краем и Кировской областью.

Однако вопреки и географии, и хозяйственно-культурному типу, и адаптивному типу (ижемских коми относят к арктическому адаптивному типу), карты генетических расстояний от обеих этнографических групп коми-зырян удивительно схожи. Выделяется темно-зеленая область минимальных расстояний (наибольшего сходства) между обеими группами коми. Их разделяет популяция русских Красноборского района Архангельской области, резко отличающаяся (оранжевые тона) от них, как впрочем, и от основного массива северных русских популяций (рис. 5.8). Со всеми другими северными русскими популяциями коми обнаруживают наибольшее сходство (наиболее яркие зеленые тона на карте). Это особенно ярко видно на карте генетических расстояний от прилузских коми (рис. 5.5), отличающихся от генофонда своих южных географических соседей и генетически явно тяготеющих к северным, пусть и географически более далеким, генофондам.

Однако не будем забывать, что такая генетическая близость самой южной и северной групп коми может указывать на сохранение единства лишь Y-хромосомного генофонда коми: возможно, из иноэтничных групп брались, главным образом, жены, а приток мужских Y-хромосом из них был невелик. Возможность «гендерной асимметрии браков» всегда необходимо учитывать, когда мы анализируем лишь одну из однородительских генетических систем – или Y-хромосому, или мтДНК.

За этим исключением – смещения наименьших генетических расстояний (ярко-зеленых) на восток и север — область генофондов, генетически близких к коми, окрашенная в светло-зеленые и желтые тона, очень схожа с ландшафтом, обнаруженным выше у карел, вепсов и эстонцев. Это невольно заставляет вспомнить работы палеоантропологов [Хартанович, 1991], указывавших, что по краниологическим данным коми-зыряне тяготеют к карелам, а не к коми-пермякам. Однако лишь будущее детальное изучение генофондов всего разнообразия популяций коми-зырян и коми-пермяков (а также своеобразных по языку коми-язьвинцев) позволит точно определить степень их генетического сходства как друг с другом, так и с другими народами Северо-Восточной Европы и Приуралья.

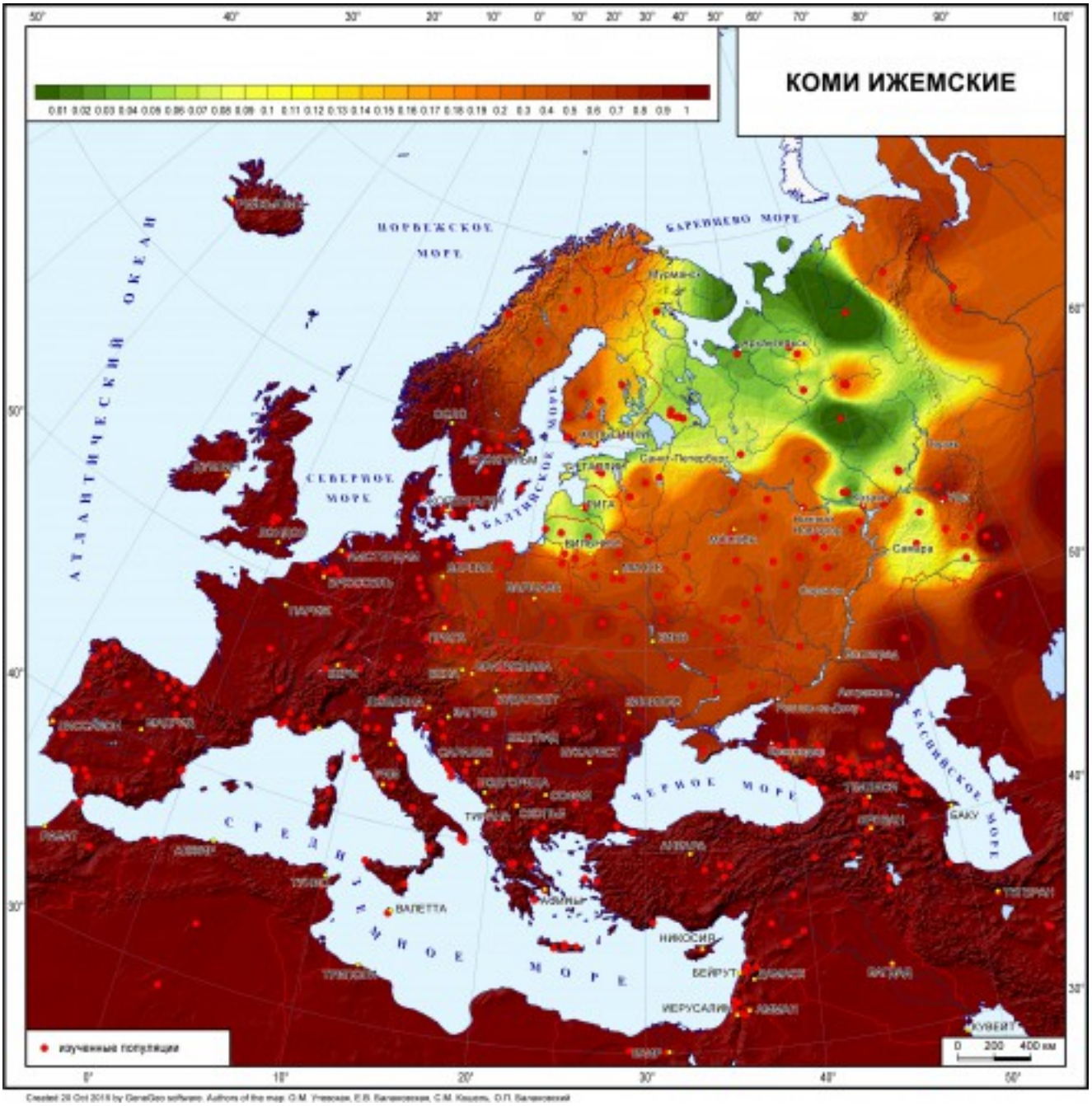

Рис. 5.4. Карта генетических расстояний от коми ижемских (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

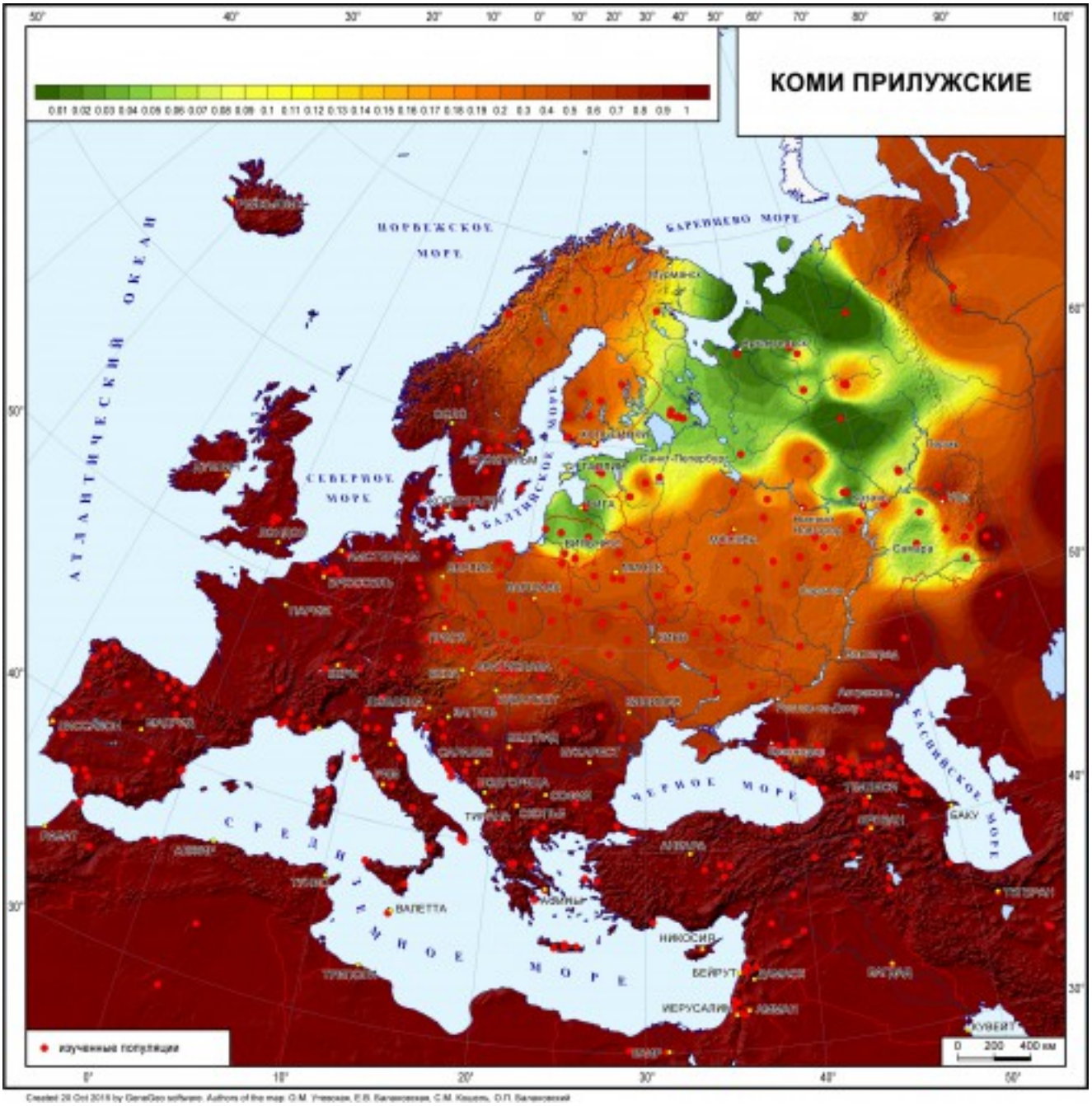

Рис. 5.5. Карта генетических расстояний от коми прилузских (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДАМИ ЛАТЫШЕЙ И ЛИТОВЦЕВ (рис. 5.6 и 5.7)

На выше рассмотренных четырех картах (рис. 5.2 — 5.5) «реперными» генофондами, от которых рассчитывались генетические расстояний, выступали популяции финно-угорских народов. Теперь перед нами карты генетических расстояний от двух балтоязычных народов – латышей (рис. 5.6) и литовцев (рис. 5.7). Лингвистически они относятся уже не к уральской семье, а к индоевропейской. Однако вопреки столь огромным лингвистическим различиям мы вновь видим все тот же генетический ландшафт, не требующий даже дополнительного описания. Ближе всего он к генетическому ландшафту соседних эстонцев (рис. 5.3). Отличие этих двух ландшафтов лишь в том, что область популяций, генетически близких к балтским народам, на северо-западе и северо-востоке максимально сужается, оставаясь широкой на юге и тем самым приближаясь к форме треугольника.

Предполагается, что носители балтских языков ранее были распространены в намного более широком ареале – от северо-востока современной Польши до верховьев Волги, бассейна Оки, среднего Днепра и Припяти. Поэтому совпадение генетических ландшафтов карел, вепсов, коми, эстонцев и латышей позволяет ставить вопрос о причинах такого совпадения. Налицо смена языковой принадлежности (или балтов, или финно-угров, или и тех, и других) при сохранении некоего общего

древнего генофонда. Может быть, существовал некий более древний генофонд, о лингвистической принадлежности которого у нас нет даже гипотез, и именно он стал тем генетическим субстратом, который до сих пор задает ландшафт самых разных генофондов Северо-Восточной Европы?

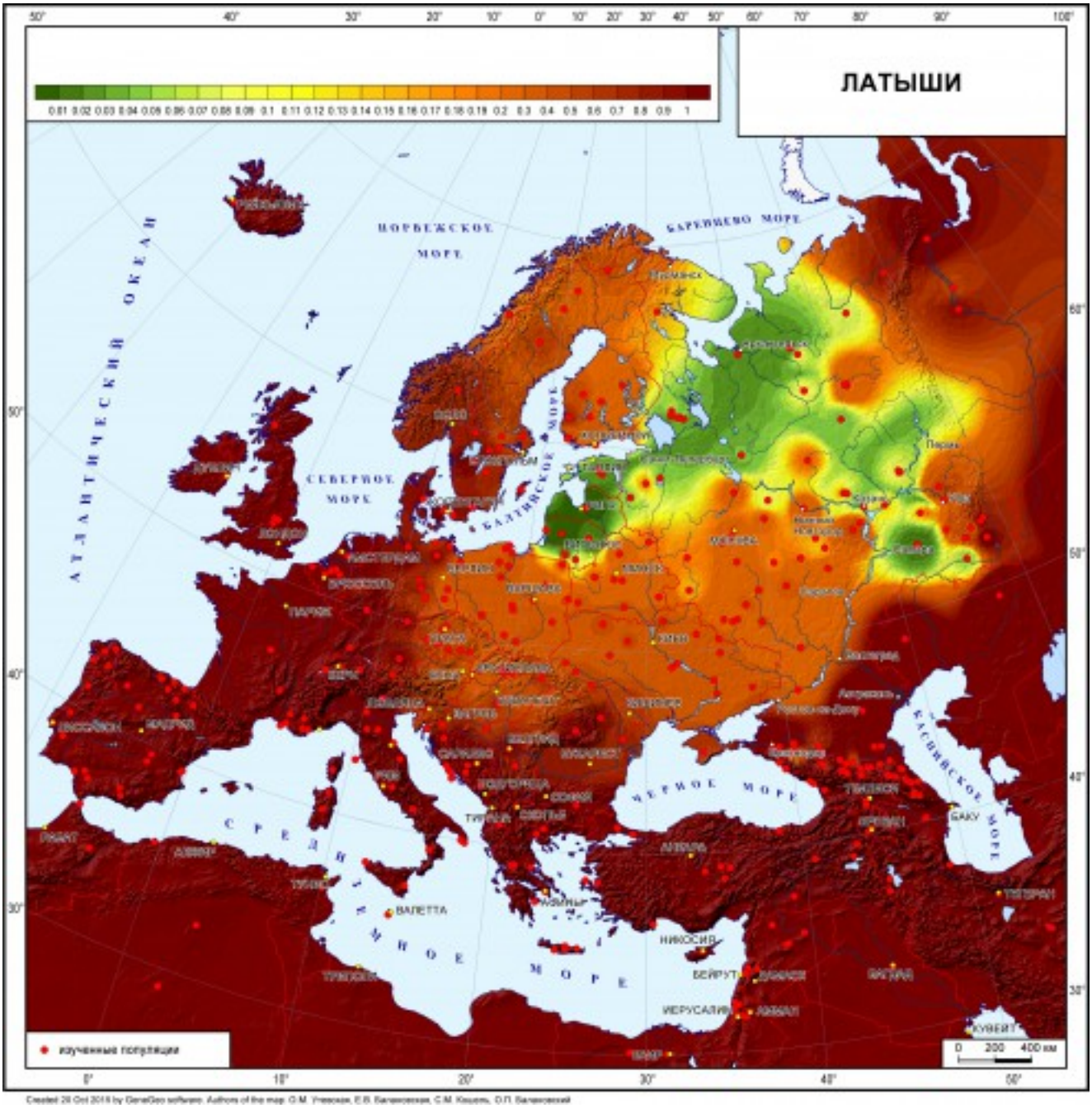

Рис. 5.6. Карта генетических расстояний от латышей (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

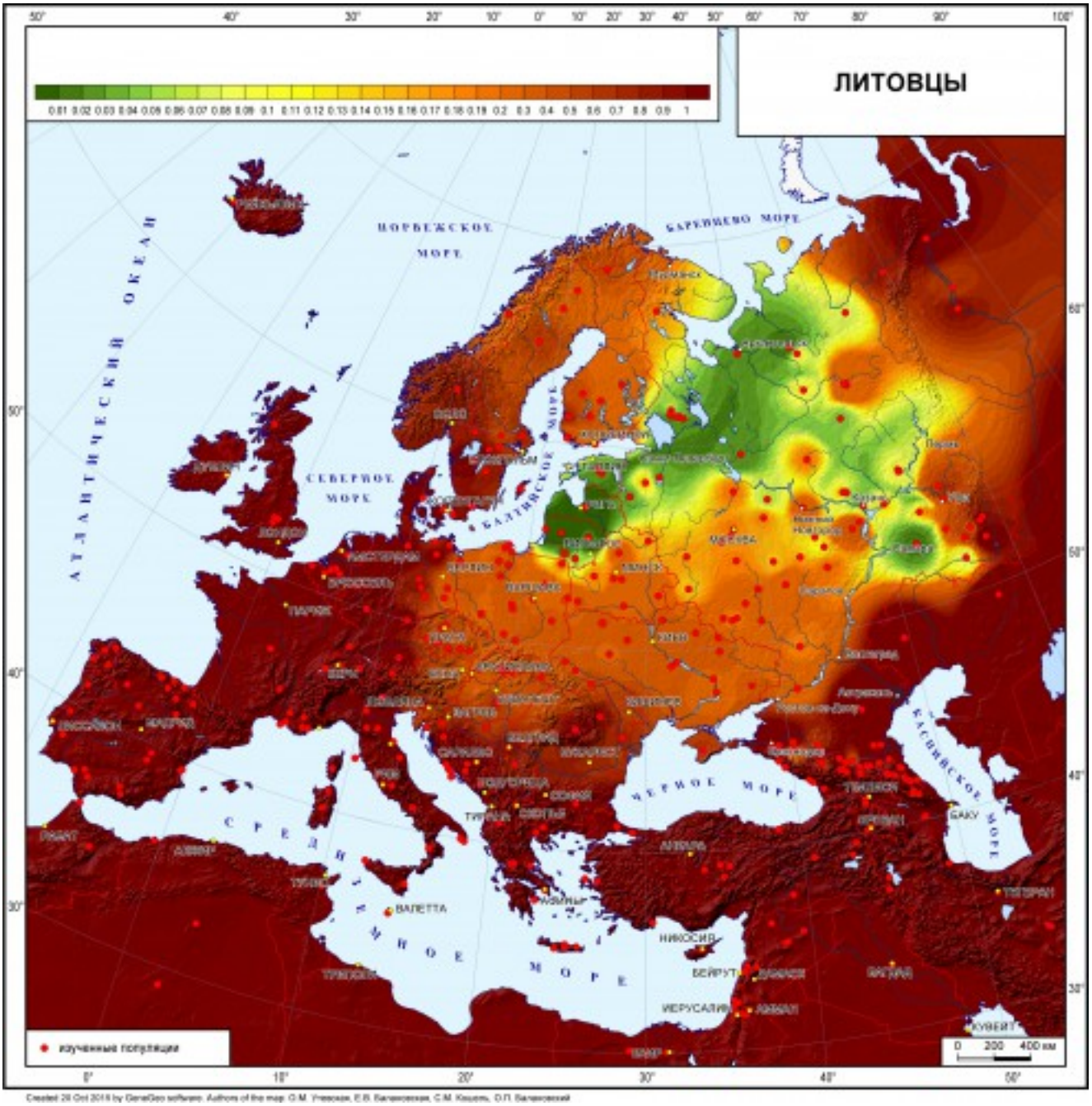

Рис. 5.7. Карта генетических расстояний от литовцев (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ СЕВЕРНЫХ РУССКИХ (рис. 5.8)

Эти сомнения и раздумья еще больше усиливает карта генетических расстояний от северных русских (рис. 5.8): генофонд наследников Новгородской Руси полностью повторяет все вышеописанные закономерности. Генетическое своеобразие северных русских популяций твердо установлено [Balanovsky et al., 2008; Балановская и др., 2011; Kushniarevich et al., 2015]. Но стало привычным клише связывать это своеобразие лишь с финно-угорским субстратом. Поэтому обратим внимание, что карта генетических расстояний от северных русских все же более схожа с генетическими ландшафтами балтов – латышей и литовцев, а не финноязычных народов. Это указывает, что будущие исследования палеоДНК мезолитического и неолитического населения могут внести коррективы в ставшую привычной интерпретацию генетического своеобразия Русского Севера просто лишь как наследия генофонда финноязычного населения. Возможно, у нас будет возможность увидеть связь генофонда Русского Севера с балтами, которые в свою очередь унаследовали генофонд древнейшего населения перигляциальной зоны Восточной Европы.

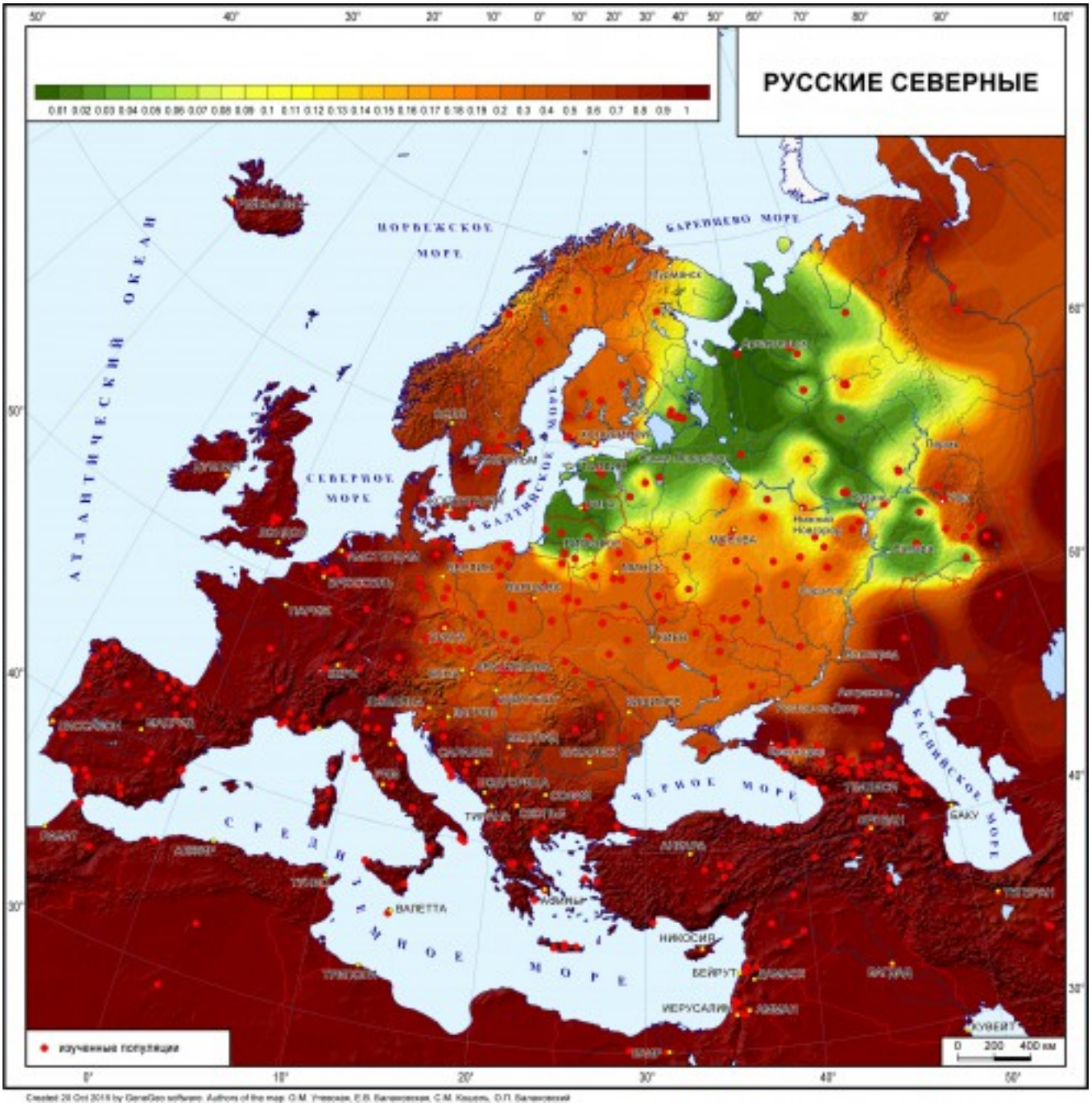

Рис. 5.8. Карта генетических расстояний от северных русских (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

КАРТОГРАФИРОВАНИЕ СХОДСТВА С ГЕНОФОНДОМ ФИННОВ (рис. 5.9)

С этим призывом к осторожности интерпретаций согласуется и самая своеобразная карта данной серии – генетических расстояний от «самого финноязычного» народа – то есть от самих финнов (рис. 5.9). Их генетический ландшафт не похож ни на один из рассмотренных: мы вообще не видим никакого сходства с рассмотренными генофондами Северо-Восточной Европы. Область сходных значений умещается в Фенноскандии, да и то занимая лишь ее половинку: как самая восточная окраина Фенноскандии, так и огромная юго-западная часть Норвегии и Швеции оказались генетически далеки от генофонда финнов. И лишь очертания оранжевой области генетически далеких популяций (но все же не максимально удаленных генофондов) повторяют очертания зоны сходства на остальных картах этой серии.

Столь выраженное своеобразие генетического ландшафта финнов находится в противоречии с их близким лингвистическим родством с другими народами прибалтийско-финской группы (сформировавшейся исторически недавно — в I тысячелетии до н.э.) и географическим положением – финны естественным образом входят именно в регион Северо-Восточной Европы.

Традиционно считается, что своеобразие генофонда финнов (выражающееся, в том числе и в наличии особого «финского»

спектра наследственных болезней) связано с тем, что популяция прошла через демографическое «бутылочное горлышко», приведшее к мощным эффектам дрейфа генов. Финны как бы оказались на периферии и финно-угорского, и скандинавского миров. Напомню, что у Андерсена при поисках чертогов Снежной королевы лапландка отсылает Герду на самый край света — к финке. Дальше уже некуда.

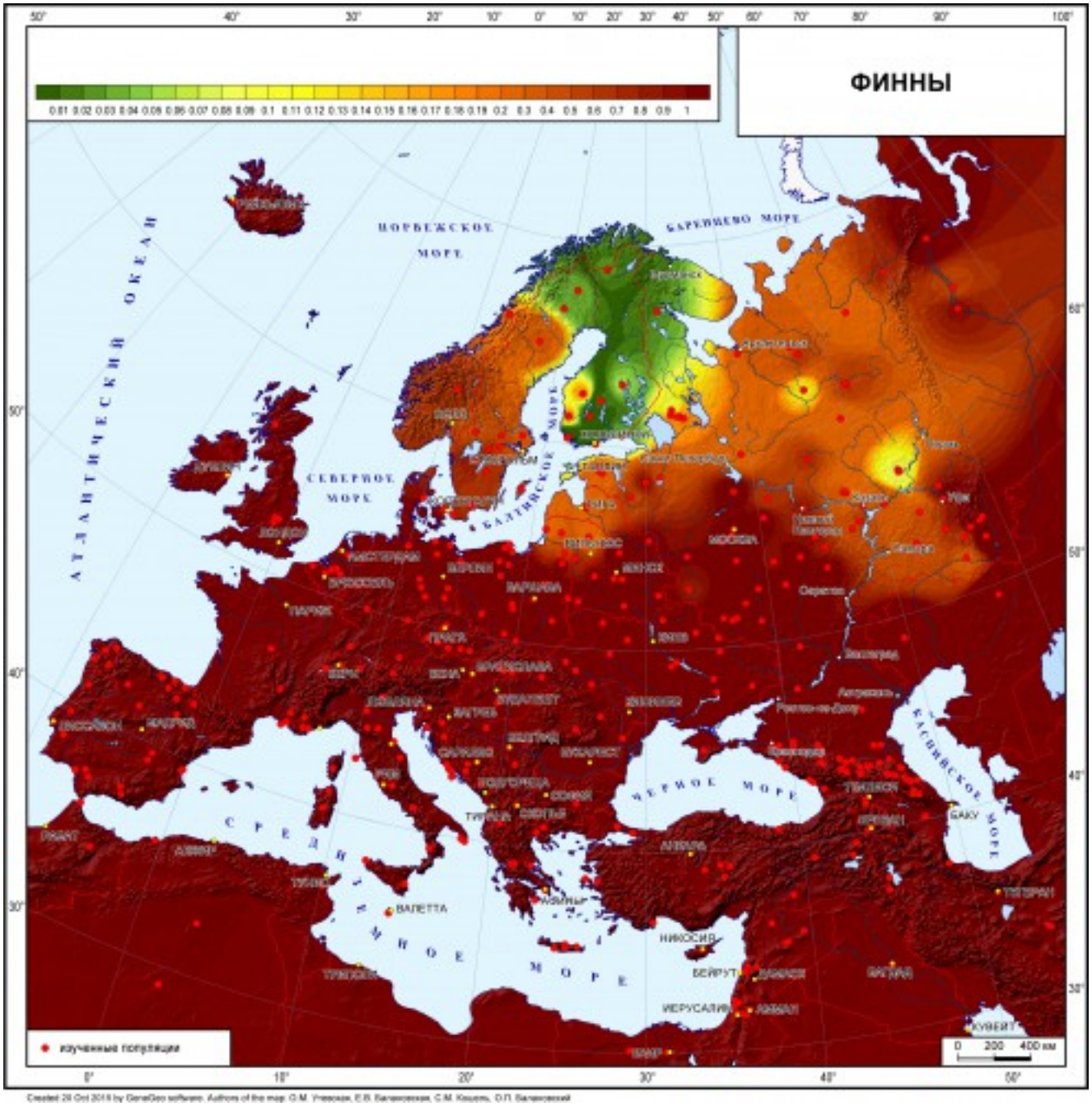

Рис. 5.9. Карта генетических расстояний от финнов (генетический ландшафт по гаплогруппам Y-хромосомы).

ЧТО ДАЛЬШЕ?

Итак, выявлен стойкий генетический ландшафт, характерный для большинства народов Северо-Восточной Европы. Но эти народы не объединяет ни принадлежность к общей языковой группе, ни принадлежность к общему региону (финны, несомненно, принадлежат к тому же региону, но их карта иная). Тогда что же их объединяет? Сохранение («консервация») генофонда древнейшего населения перигляциальной зоны Восточной Европы? Искушение выдвинуть такую гипотезу велико. Ведь даже если мы исключим из обобщенной карты генетического ландшафта генетически резко отличающихся (отдрейфовавших?) финнов, и построим карту заново по серии из семи карт (рис. 5.10) — мы получим все тот же устойчивый генетический ландшафт Северо-Восточной Европы (что и на рис. 5.1), только окрашенный в еще более яркие тона малых генетических различий. Именно его можно считать типичным, стандартным, «эталонным» генетическим ландшафтом

коренного населения Северо-Восточной Европы.

Любой, даже поверхностно знакомый с геногеографией, сразу скажет: эти карты объединяет гаплогруппа **N1c-M178**. Да, именно ее высокие частоты характерны для всех рассмотренных генофондов, и ареал этих высоких частот формирует выгнутую к северу дугу от Прибалтики до Приуралья. Но ее частота особенно велика у финнов (более половины генофонда), и своеобразие генетического ландшафта финнов объясняется во многом именно повышением частоты этой гаплогруппы. У других народов севера Восточной Европы частоты **N1c-M178** более умеренные. Но не будем забывать, что карты построены не по одной **N1c-M178**, а по данным обо всей совокупности основных европейских гаплогрупп, частоты которых значительно разнятся в пределах Северо-Восточной Европы. Поэтому выявленные зоны сходства и их особенности определяются не одной лишь гаплогруппой **N1c**, а всем Y-хромосомным генофондом.

Но все же роль этой североевразийской гаплогруппы особенно велика. Поэтому ее углубленное изучение позволит продолжить историю, рассказанную в этом разделе. Продолжения ждать уже недолго: полногеномные исследование Y-хромосомы уже позволили выделить в евразийском ареале гаплогруппы **N1c**, по крайней мере, восемь географически приуроченных ветвей, по которым уже проведен скрининг целого ряда популяций Евразии. Как только число и спектр популяций Европы, для которых определены частоты новых ветвей гаплогруппы **N1c**, достигнет достоверного уровня для создания полноценных карт генетических расстояний, мы обновим эту серию карт, включив в спектр анализируемых гаплогрупп карты новых ветвей **N1c** и тогда, надеюсь, сумеем выделить различные миграционные потоки в генетическом ландшафте Северо-Восточной Европы.

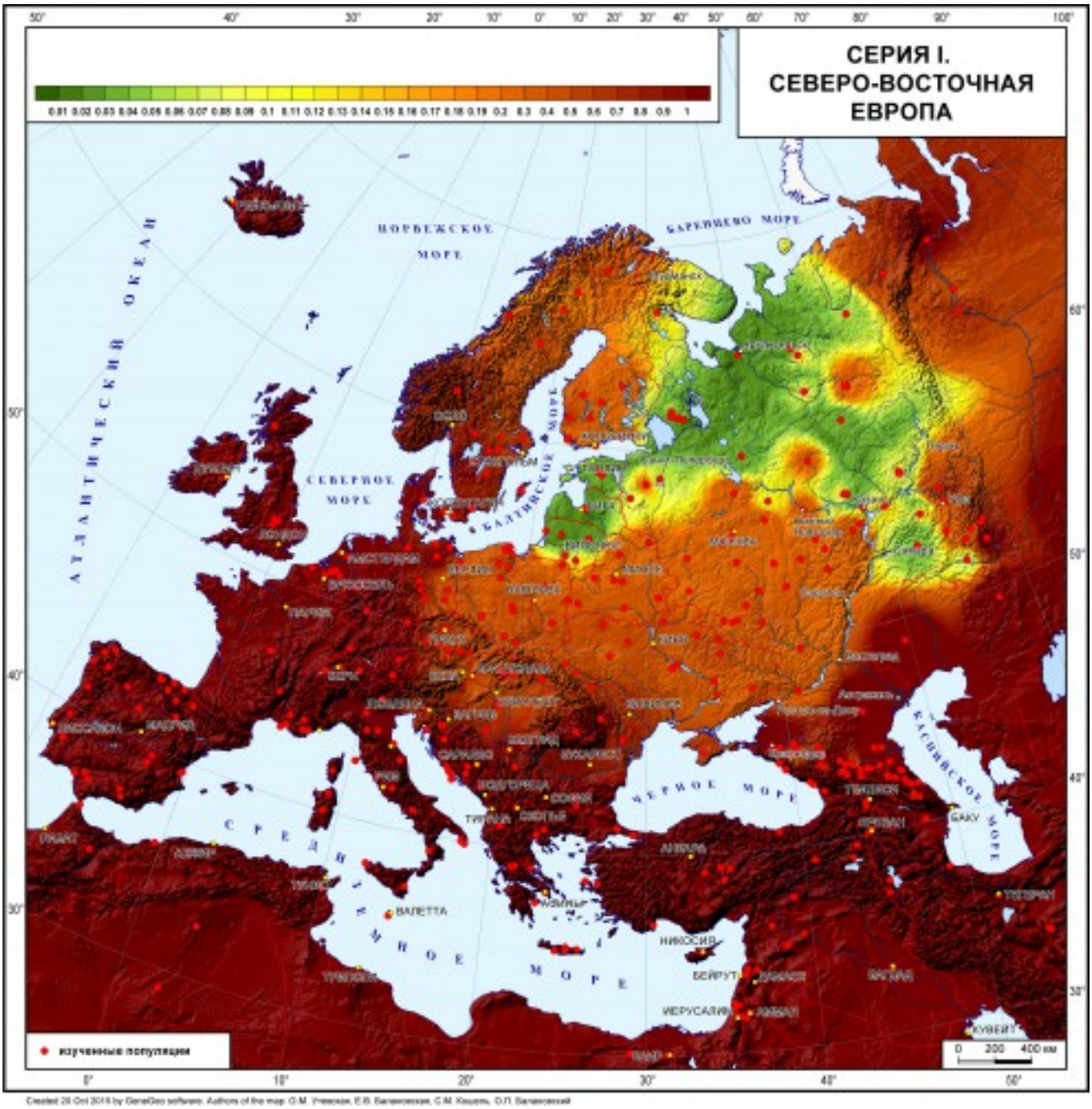

Рис. 5.10. Карта обобщенного генетического ландшафта Северо-Восточной Европы по гаплогруппам Y-хромосомы (без финнов). (Построена как средняя по семи картам генетических расстояний: от вепсов и карел, коми ижемских, коми прилузских, латышей, литовцев, северных русских, эстонцев).