УДК 94 (367)

СЛАВЯНСКИЕ СУПЕР-ВЕТВИ: Y-ДНК КАК МАРКЕР РАННИХ МИГРАЦИЙ СЛАВЯН

И.Л. Рожанский
Академия ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония)
e-mail: igorrozhanskii@gmail.com
SPIN-код: 9823-3659
Scopus Author ID: 6602811767
Researcher ID: M-8875-2018
http://orcid.org/0000-0002-7571-7626

Авторское резюме

По результатам анализа представительной выборки Y-ДНК из Восточной и Центральной Европы было выделено 5 линий, характеризующих славянские народы. Ввиду своей численности (от 10 до 35 миллионов носителей каждая) они получили название «супер-ветви». Начало роста супер-ветвей (IX-II века до н.э.) указывает на время выделения славянских народов как отдельной этнической группы. В соответствии с их географическим распределением было реконструировано существование 3 групп славян, сложившихся к началу новой эры: западной, юго-восточной и северной. Для ряда супер-ветвей были выявлены корреляции с расселением славянских племен дописьменной эпохи.

Ключевые слова: славяне, этногенез, миграции, супер-ветви, Y-ДНК.

SLAV SUPER-BRANCHES: Y-DNA AS A PROBE OF EARLY SLAV MIGRATIONS

Igor Rozhanskii
Academy of DNA-Genealogy (Tsukuba, Japan)
e-mail: igorrozhanskii@gmail.com

Abstract

Analysis of the representative Y-DNA dataset from Eastern and Central Europe reveals 5 lines, which have been proved to characterize Slav peoples. Considering their huge size (from 10 to 35 millions men each), they have been coined as «super-branches». An onset of the growth of super-branches (9th to 2nd centuries BCE) is suggested to mark timelines for the formation of early Slavs as a distinct ethnic entity. Their geographical distribution is consistent with the existence of Western, South-Eastern and Northern Slavic groups, which have been formed by the beginning of the Common Era. Several super-branches also show apparent correlations with settling patterns of Slav tribes in the pre-literate period.

Keywords: Slavs, ethnogenesis, migration, super-branches, Y-DNA

* * *

Понятия «славянин», «славяне», «славянство» чрезвычайно многозначны. Формально определяемые в терминах языкового родства, они включают в себя много других аспектов, среди которых не последнее место занимает интуитивно понимаемая общность происхождения славянских народов. Данный вопрос занимал историков, политиков и деятелей культуры, начиная с раннего Средневековья. Представления о прародине и дописьменной истории славян проделали путь от адаптации библейских текстов до фундаментальных работ чешских славистов, подведших итог этапу, основанному на изучении письменных источников (Шафарик 1847; Нидерле 1956). С конца XIX века все больший вклад начинает вносить археология, и в настоящее время ранняя история славян фактически стала ее разделом. Из других подходов можно выделить работы по славянской акцентологии и диалектологии, которые позволили очертить границы славянских племен дописьменной эпохи и выявить языковые связи, о существовании которых было ранее неизвестно (Дыбо и др. 1990; Николаев 1994). В частности, особенности древненовгородского диалекта XI-XV веков поставили под сомнение казавшуюся самоочевидной схему расхождения славянских языков на западные, восточные и южные. Данные, собранные археологами и лингвистами, дополняют исследования антропологов, по которым неоднократно издавались обзоры и монографии (Алексеева 2002).

По мере совершенствования экспериментальных методов, все больший вклад в изучение ранней истории славян вносит исследование ДНК. Данные по митохондриальной ДНК, наследуемой по женской линии, не выявили существенных различий между славянами и другими народами Европы, но в первом же масштабном исследовании Y-ДНК, наследуемой от отца к сыну, такое отличие было найдено. У чехов, словаков, хорватов, поляков, македонцев, украинцев, а также венгров обнаружили высокую, от 25% до 60%, долю гаплогруппы R1a-M17 (Eu-19 в тексте статьи), тогда как в 19 остальных, не славянских популяциях она не превышала 12% (Semino 2000). Однако тогда это не привлекло внимания коллектива авторов во главе с одним из основоположников геногеографии человека Л. Кавалли-Сфорца, и они сделали вывод, что эта гаплогруппа восходит к населению Европы эпохи палеолита. Данные ДНК людей с палеолитических стоянок в Чехии, Румынии и России показали, что вывод был ошибочным (Fu 2016; Sikora 2017). Численный рост и распространение гаплогруппы R1a в Европе начались намного позже, во времена ранней бронзы, что коррелирует с распространением индоевропейских языков вплоть до Индии и Ирана (Клёсов 2016).

Как следует из статистики по современным популяциям, потомки носителей гаплогруппы R1a той эпохи (в частности, из культуры шнуровой керамики) внесли основной вклад в этногенез ранних славян, но пока мало ясности, каким образом можно использовать эти данные в качестве материала, дополняющего исследования историков, археологов, антропологов и лингвистов. В настоящей работе поставлена задача дать исходные пункты и методологию для взаимодействия ДНК-генеалогии славян с этими дисциплинами.

ИСКОПАЕМАЯ ДНК СЛАВЯН И БАЛТОВ

Прямую информацию по Y-хромосомным линиям предков современных славян можно получить из ископаемых образцов, и использовать ее далее для проверки существующих гипотез. Необходимое условие – археологический контекст образца и его отнесение к конкретной линии Y-ДНК должны быть надежно установлены, чтобы избежать двусмысленности. В генетических базах данных и научных публикациях в настоящее время имеются сведения более, чем о 700 образцах ископаемой Y-ДНК, но абсолютное их большинство принадлежит людям каменного и бронзового веков, что делает их малопригодными для решения поставленной задачи (Рожанский 2017). Систематического исследования славян Средних Веков и их непосредственных предков эпохи железа пока не проводили, и данные по единичным образцам, как правило, публиковались в малоизвестных изданиях или диссертациях. Исключение составляет недавно опубликованная работа, в которой всесторонне исследовали ДНК людей, живших в Прибалтике между 8600 и 2200 годами назад (Mittnik 2018). Образцы, датируемые I тысячелетием до н.э., включены в список, хотя формально они расположены за пределами славянской территории. Информация по ископаемой ДНК, принадлежащей (доказано или гипотетически) славянам или балтам, суммирована в Табл. 1 и на карте (Рис. 1).

Рис. 1. Карта находок ископаемой ДНК с датировками от X века до н.э. по XVII век н.э. Обозначения соответствуют номерам в Табл. 1

Таблица 1. Образцы ископаемой Y-ДНК, связанные со славянами

№	Местонахождение	Датировка	Гаплогруппа	Примечания
1	Литва, Турлоишке	1010–800 до н.э.	R1a-Z645[а] R1a-YP617[б]	
2	Литва, Турлоишке	930–810 до н.э.	R1a-Z645[а]	
3	Латвия, Кивуткайнс	800–545 до н.э.	R1b-V88[а] R1a-YP1370[б]	
4	Латвия, Кивуткайнс	800–545 до н.э.	R1a-Z645[а] R1a-CTS1211[б]	
5	Латвия, Кивуткайнс	800–545 до н.э.	R1a-M198[а]	
6	Латвия, Кивуткайнс	805–515 до н.э.	R1a-M459[а] R1a-Y13467[б]	
7	Латвия, Кивуткайнс	730–390 до н.э.	R1a-M459[а]	
8	Латвия, Кивуткайнс	730–400 до н.э.	R1a-Z645[а] R1a-Y13467[б]	
9	Латвия, Кивуткайнс	405–230 до н.э.	R1a-M198[а] R1a-Y13467[б]	
10	Россия, Анашкино	800-500 до н.э.	R1a-M17[в]	
11	Россия, Девичьи Горы	700-1000 н.э.	N1a-M46[в]	Культура длинных курганов
12	Чехия, Тетин	870-950 н.э.	G-M201[г]	
13	Чехия, Подлажице	~ 1180 н.э.	R1b-Z2103[д]	
14	Россия, Владимир	1100-1220 н.э.	I2a1-CTS10228[е]	
15	Германия, Узедом	~ 1200 н.э.	R1a-M458[ж]	
16	Германия, Узедом	~ 1200 н.э.	E1b-V13[ж]	
17	Польша, Торунь	1543 н.э.	R1b-M269[з]	Н. Коперник
18	Россия, Радонеж	1580-1617 н.э.	R1a-M198[и]	

а) Mittnik 2018; б) Y-SNP 2018; в) Чекунова 2014; г) Kubalek 2008; д) Vanek; е) Sikora 2017; ж) Freder 2010; з) Bogdanowicz 2009; и) Мустафин 2017.

Малый объем выборки пока не дает возможности задействовать данные палеогенетики славян в сколько-нибудь значительной мере. Из имеющихся результатов следует отметить образцы из Прибалтики позднего бронзового века, отнесение которых было проведено блогером, публикующимся под именем Genetiker. В оригинальной статье анализ Y-ДНК был менее детальным (Mittnik 2018). Авторы ограничились информацией о гаплогруппе, без уточнения ветви, но разместили геномные данные в открытой базе данных, что дало возможность провести независимую экспертизу. Все 9 образцов принадлежат к гаплогруппе R1a, причем 3 из них (№№ 3, 6 и 9) – к ныне малочисленной ветви Y13467, найденной у современных уроженцев Латвии, Литвы, Польши и Швеции (https://www.yfull.com/tree/R-Y13467/), а один (№ 1) – к ветви YP617 (https://www.yfull.com/tree/R-YP617/), предковой для супер-ветви YP569, одной из наиболее распространенных у восточных славян, а также у литовцев (см. ниже). Преемственность генеалогических линий балтийского региона в течение последних 3000 лет можно считать одним из оснований к выводу, что современная география Y-ДНК в Восточной Европе должна отображать времена, намного предшествовавшие возникновению нынешних государственных границ и началу миграций индустриальной эпохи.

СОВРЕМЕННАЯ СТАТИСТИКА Y-ДНК ВОСТОЧНОЙ ЕВРОПЫ

Сформулированный выше вывод вряд ли можно назвать самоочевидным, а потому его необходимо обосновать на фактическом материале. В этом качестве были взяты этнические группы немцев, до 1945 года населявших Восточную Пруссию и территорию современного Поморского воеводства Польши. Их потомки в настоящее время рассеяны по всему миру, но многие участники проектов FTDNA указали свои корни в этом регионе, а их гаплотипы длиной 37 маркеров и более были занесены в базу данных IRAKAZ-2017 (http://dna-academy.ru/irakaz/). Статистика по их гаплогруппам приведена в графическом виде на карте (Рис. 2).

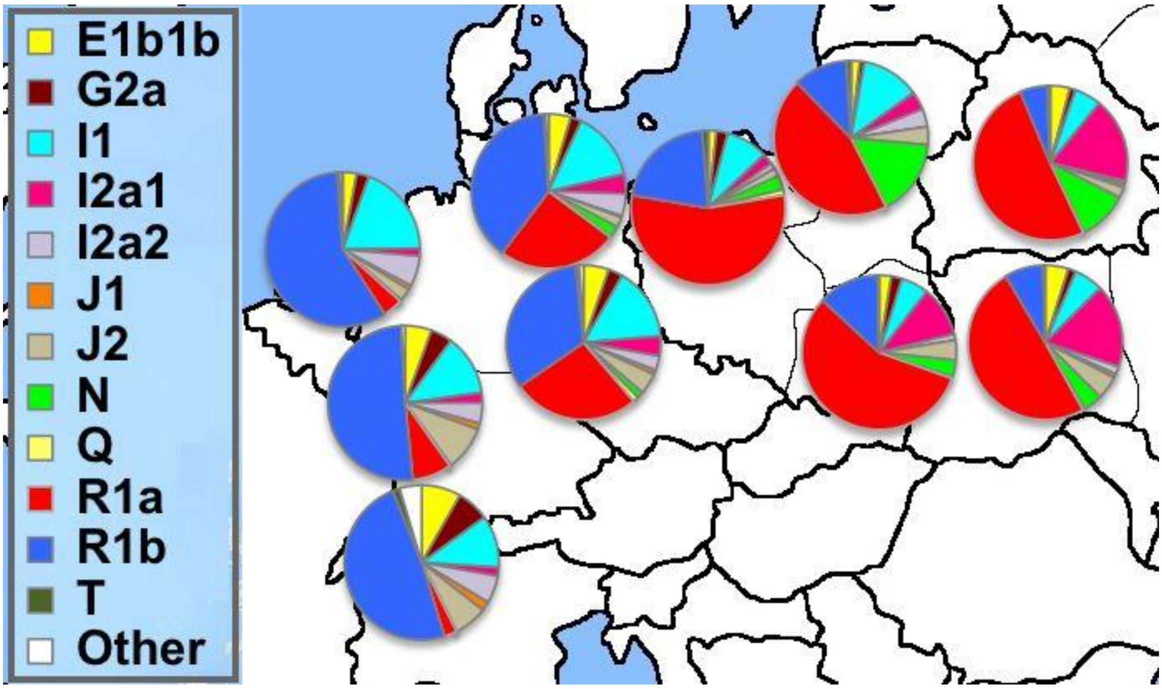

Рис. 2. Распределение основных европейских Y-хромосомных гаплогрупп среди германоговорящих и славянских (Белоруссия, Малая Польша, Западная Украина) популяций, согласно проектам FTDNA и полевым выборкам (Purps 2014)

Основной гаплогруппой у немцев Померании и Восточной Пруссии является R1a, охватывающая около 50% участников (94 из 170 и 48 из 106, соответственно). В референсных выборках из Нидерландов, Баден-Вюртемберга и Базеля эта доля составляет от 4% до 8%, что можно считать характерной величиной для германских народов континентальной Европы. Если сопоставить эти цифры, то можно сделать вывод, что доля прямых потомков немецких колонистов в предвоенном населении Померании и Восточной Пруссии не превышала 10%, а основная часть приходилась на потомков онемеченных местных жителей – славян-поморян и пруссов. Следовательно, статистика по генеалогическим линиям этих этнических групп фактически отображает ситуацию середины XIII века, когда началась немецкая колонизация региона. Многовековое немецкое присутствие, а затем включение в состав Королевства Пруссия почти не сказалось на родословных местных жителей, которые вплоть до промышленной революции в основном жили в сельской местности. В землях Мекленбург, Бранденбург и Саксония, населенных в Раннем Средневековье славянскими племенными союзами ободритов и лютичей, доля гаплогруппы R1a также превышает уровень, характерный для бассейна Рейна. Германская колонизация этой территории началась раньше, чем в Померании и Восточной Пруссии, и была более интенсивной, но вклад прежнего славянского населения хорошо различим и по сей день.

Территории, ныне населенные славянами, в историческое время не знали миграций масштаба немецкой колонизации, насколько можно заключить из хроник и архивных материалов. Исключение составляют только южные и восточные рубежи Киевской и Московской Руси, население которых то отходило под давлением степных народов, то возвращалось и продвигалось на новые земли по мере усиления государства. Следовательно, соотношение генеалогических линий на той или иной территории славянского мира в основном складывалось в дописьменную эпоху и мало менялось впоследствии в силу традиций и хозяйственного уклада крестьянства – наиболее многочисленной социальной группы Средних Веков и Нового Времени. Однако возникает вопрос, могут ли быть объективными данные, полученные от наших современников, живущих, как правило, в мегаполисах или даже других странах? На него можно ответить положительно, и вот почему. По правилам, принятым в FTDNA, клиентам, сдавшим тест на Y-хромосому, предоставляется возможность опубликовать сведения о своих предках по прямой мужской линии, поскольку одна из главных задач этого сервиса – помочь в поиске родственников и составлении родословных. За редкими исключениями, клиенты серьезно подходят к этому вопросу, и предоставляют результаты генеалогических исследований, уходящие иногда до XV-XVI веков. Таких глубоких родословных у участников из Восточной Европы немного, но до XIX – начала XX века свой род прослеживают почти все, кто заполняет графу «сведения о предках». Вопреки распространенному заблуждению, что генеалогией интересуются только потомки аристократов, абсолютное большинство участников ДНК-проектов происходит из крестьян и других низших сословий. Если собрать все сведения вместе, то они отображают демографическую ситуацию Первой (и единственной) Всеобщей переписи населения Российской Империи 1897 г., зафиксировавшей высокую долю сельского населения (http://www.demoscope.ru/weekly/ssp/rus1897_01.php): 87% в Европейской России и 77% в Польше. Таким образом, данные по 8238 гаплотипам из списка IRAKAZ-2017 дают возможность восстановить картину расселения генеалогических линий славянского населения, сложившуюся к времени становления первых государственных образований славян. Обсуждавшийся выше пример с немцами Померании, Восточной Пруссии, Мекленбурга и Саксонии подтверждает этот вывод.

Статистика из IRAKAZ выглядит масштабной, но гаплотипы в нем распределены по славянскому миру очень неравномерно, что создает проблему с репрезентативностью данных. В первую очередь это касается южных славян, не проявляющих пока высокой активности в проектах FTDNA. Чтобы важный для славянской истории балканский регион не выпадал из рассмотрения, для него привлекалась также статистика из научных публикаций, для которых тестирование проводили на анонимной основе (Karachanak 2013; Purps 2014). В качестве дополнительного источника по Белоруссии использовались ранее опубликованные данные (Рожанский 2013). Вопросами репрезентативности данных продиктовано также разделение славянского мира на регионы. Для больших по площади России, Украины, Польши и Белоруссии было бы желательно давать отдельную статистику по каждой области или воеводству, но из-за недостатка данных это привело бы к неоправданно большим погрешностям. С другой стороны, если рассматривать каждую из этих стран как единое целое, то географическое разрешение окажется неоправданно низким для поставленной задачи. В качестве компромиссного варианта разделение было проведено следующим образом. Статистика по Польше дается по четырем историческим регионам: Поморью, Великой Польше (включая Силезию и Куявию), Мазовии (включая Мазурию и Подляшье) и Малой Польше. Польско- и немецкоязычные уроженцы Поморья рассматривалась как единое целое. Для статистики по Калининградской области России и прилегающей к ней части Варминско-Мазурского воеводства Польши использовались данные немцев Восточной Пруссии (*de facto* онемеченных пруссов). В Белоруссии бассейн Днепра (Полесье и Поднепровье) рассматривался отдельно от других регионов. Украина была поделена на западную и восточную части по восточной границе Житомирской и Винницкой областей. Разделение России на северную, центральную и южную части следовало диалектологической карте русского языка (Захарова, Орлова 2004; Карта: https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/d/df/Russian_dialects.jpg). Согласно недавним исследованиям, существующие диалектные различия русского языка восходят к временам существования разных восточнославянских племен (Николаев 1994), а потому разделение по языковому признаку предпочтительнее, чем следование современным административным границам. Территории, присоединенные к Московскому царству в XVI-XVII веках, не учитывались, поскольку отсутствуют надежные данные, из каких частей России переселились предки их современного русского населения.

СУПЕР-ВЕТВИ: ОПРЕДЕЛЕНИЕ И ХАРАКТЕРИСТИКИ

Как уже отмечалось во вводной части, гаплогруппа R1a в Европе в значительно степени маркирует славянские народы. Однако, если брать статистику по гаплогруппе в целом, то она дает крайне размытую картину, из которой невозможно извлечь информацию о происхождении славянских народов. Кроме того, на карте с портала Eupedia учтены также скандинавский (Z284) и азиатский (Z93) субклады, не имеющие отношения к славянам (Рис. 3).

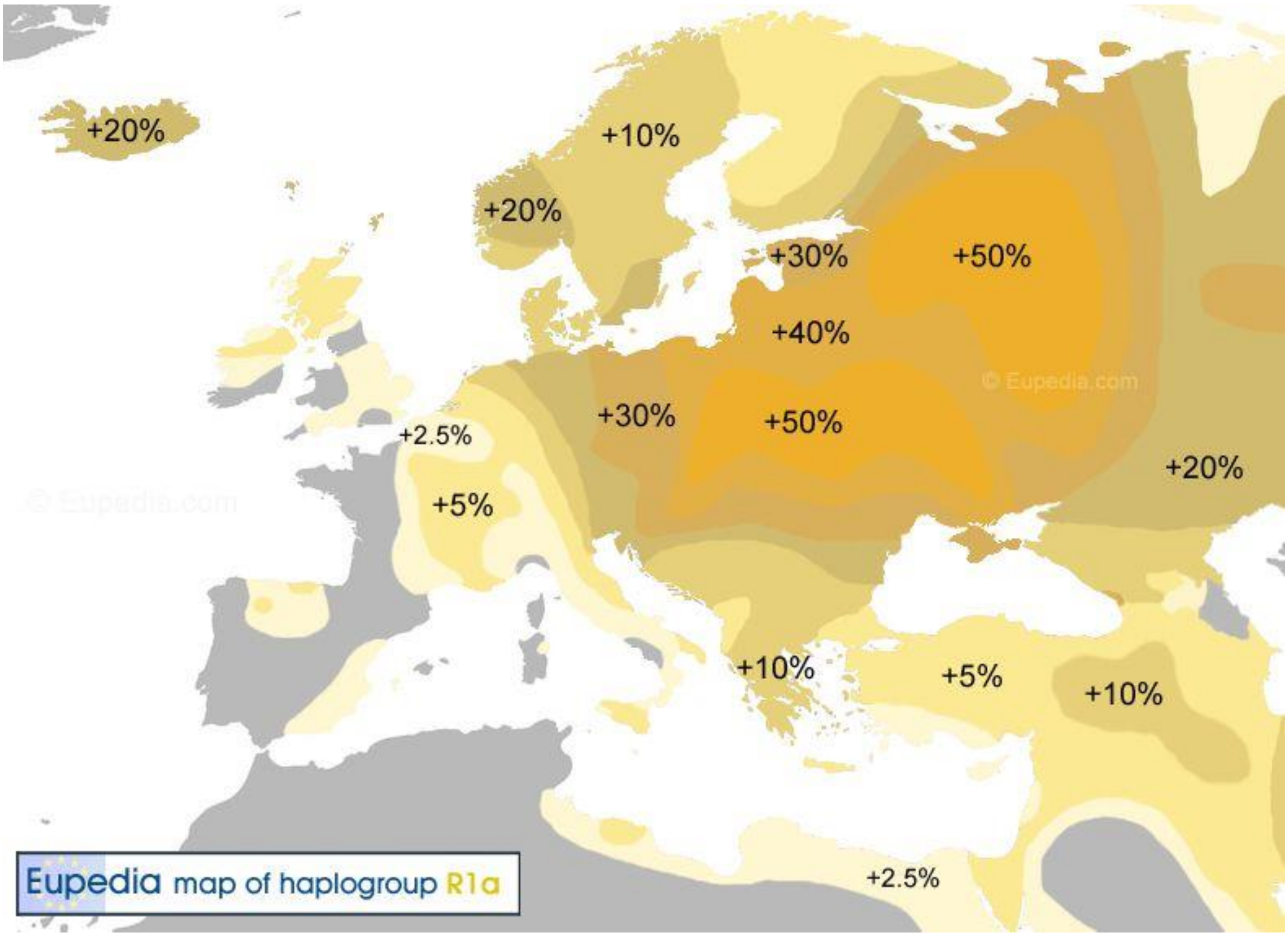

Рис. 3. Доля носителей гаплогруппы R1a от общего населения Европы и Ближнего Востока (https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1a_Y-DNA.shtml)

Чтобы найти решение поставленной задачи, необходимы данные по ветвям гаплогруппы R1a, имеющим более компактную географию и этнический состав. В текущей версии наиболее детального дерева R1a (YTree v6.01 от 4 января 2018 г.: https://www.yfull.com/tree/R1a/) насчитывается 878 дочерних ветвей разного иерархического уровня. Если располагать представительными выборками по каждой из них, то это дало бы возможность выявить исторические детали с высокой точностью, вплоть до происхождения отдельных семейных линий. Поскольку к настоящему времени многие ветви насчитывают всего по 2-3 подтвержденных представителя, это делает такую задачу практически не выполнимой. Чтобы избежать неопределенности из-за недостаточной статистики, следует временно отказаться от работы с каждой ветвью и перейти к рассмотрению тех, что удовлетворяли бы следующим критериям:

1) они должны быть достаточно крупными, чтобы об их распространенности в том или ином регионе иметь статистически достоверную информацию;

2) они должны встречаться в основном у славянских народов или народов, в этногенез которых славяне внесли значительный вклад (например, венгров);

3) их дочерние ветви должны образовывать однородную структуру (см. ниже), которая свидетельствует о стабильном, без существенных разрывов, росте генеалогической линии, начиная с времени рождения ее самого недавнего общего предка.

При анализе базы данных IRAKAZ было найдено 5 таких генеалогических линий, которые из-за своей численности получили название супер-ветвей. Самой большой из них оказалась ветвь, представляющая не гаплогруппу R1a, а редкую за пределами славянского мира гаплогруппу I2a1. В популярной литературе и на Интернет-ресурсах эта ветвь известна как «динарская» (Dinaric), по Динарскому нагорью на Балканах, где ее доля от всего населения достигает 40 %. Характеристики славянских супер-ветвей суммированы в табл. 2, а их карты представлены на рис. 4-8. Чтобы избежать неоправданной детализации карт, не соответствующей уровню статистической достоверности, при их построении применялся алгоритм сглаживания.

Таблица 2. Основные характеристики славянских супер-ветвей

Название[а]	Время жизни предка (лет назад)[б]		Численность	
	IRAKAZ[в]	YFull[г]	IRAKAZ	В мире (оценка)
I-CTS10228	2450-1950	2600-1950	425	30-35 млн
R-CTS11962	2900-2300	3900-2600	472	18-22 млн
R-L260	2800-2300	3000-2100	420	10-12 млн
R-Y2902	2450-1950	3200-1800	268	16-19 млн
R-YP569	2350-1900	2300-1700	261	15-18 млн

а) Конвенция FTDNA; б) нижний и верхний пределы с 95 % вероятностью; в) расчет по 111-маркерным гаплотипам; г) расчет по снипам в Y-хромосоме.

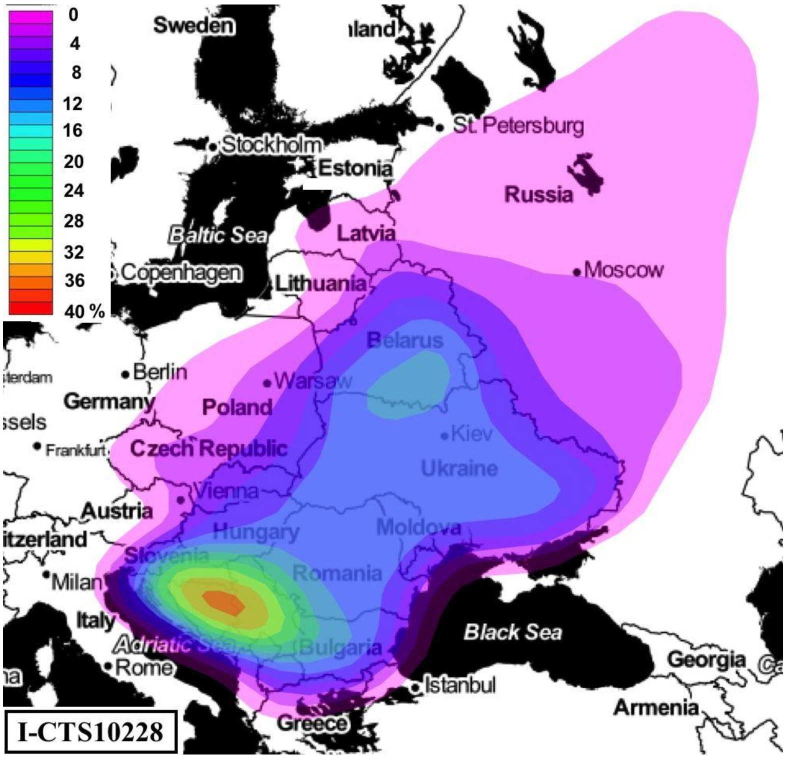

Рис. 4. Доля носителей ветви I-CTS10228 (динарская)
в процентах от общего населения регионов Европы

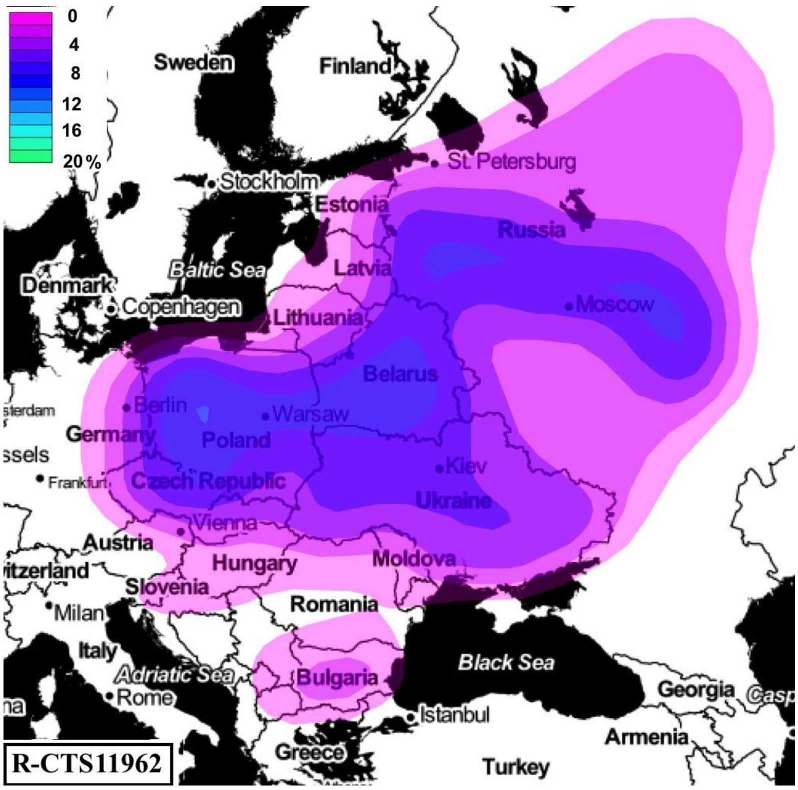

Рис. 5. Доля носителей ветви R-CTS11962 (центрально-европейская)
в процентах от общего населения регионов Европы

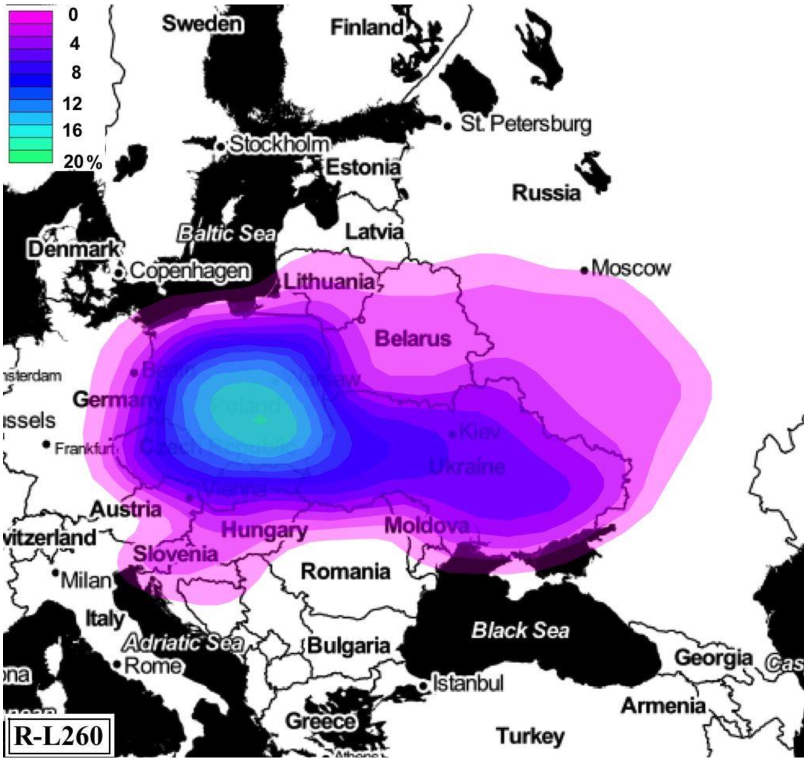

Рис. 6. Доля носителей ветви R-L260 (западнославянская) в процентах от общего населения регионов Европы

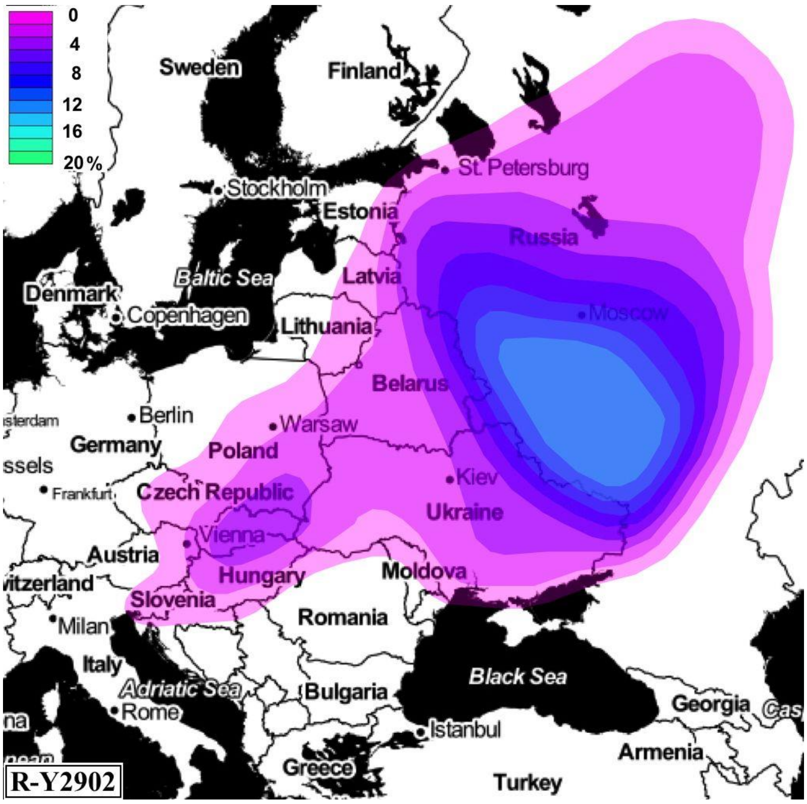

Рис. 7. Доля носителей ветви R-Y2902 (восточная карпатская) в процентах от общего населения регионов Европы

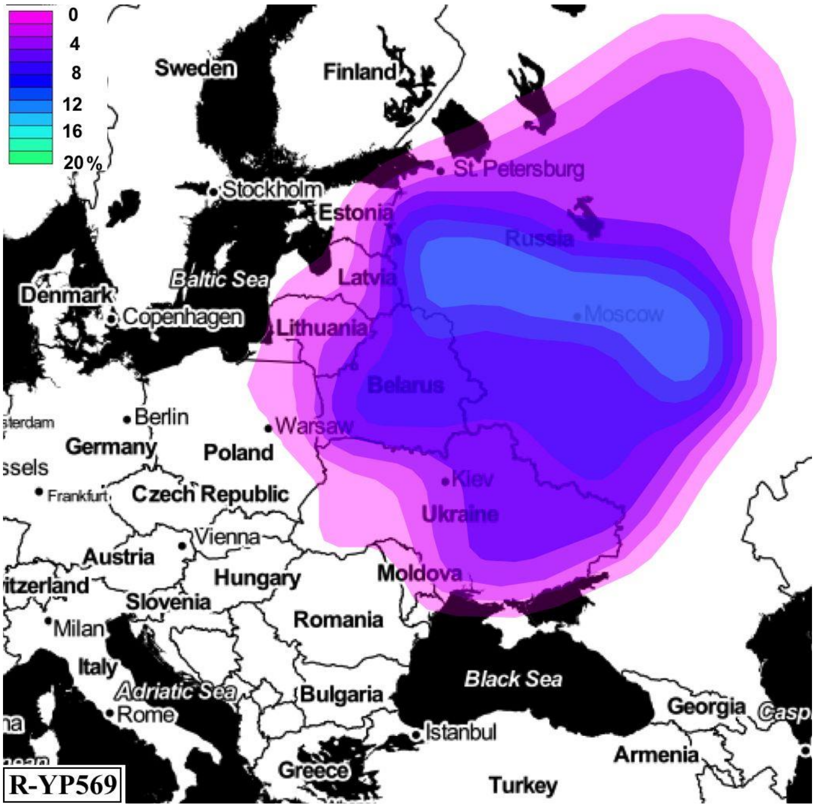

Рис. 8. Доля носителей ветви R-YP569 (северная евразийская-1) в процентах от общего населения регионов Европы

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Согласно статистике из базы данных IRAKAZ, охарактеризованные выше 5 супер-ветвей охватывают от 40 (сербы) до 53 (белорусы Поднепровья) процентов славянских народов, за исключением чехов (33%), болгар (28%) и русских с севера России (22%). У находящихся в том же ареале неславянских народов (эстонцы, латыши, литовцы, немцы, румыны, албанцы, греки) эта доля не превышает 20%, за исключением венгров (27%). Статистические данные приводятся здесь без погрешностей, которые варьируют в зависимости от размера выборки, а потому их следует рассматривать как полуколичественные. Однако даже на этом уровне концепция супер-ветвей согласуется с историческими данными о формировании славянских народов, выпадающих из закономерности. Все 3 этнические группы находятся на периферии славянского мира, и в их формирование значительный вклад внесло дославянское население: кельтские, германские, фракийские и финно-угорские племена, соответственно. Промежуточное положение венгров также согласуется с историческими данным. Мадьяризация славянского населения Подунавья началась в X веке и продолжалась вплоть до 1918 года, когда венгерский был государственным языком восточной части Австро-Венгерской империи.

Датировки супер-ветвей дают возможность выяснить время, начиная с которого можно говорить о возникновении славян как отдельной группы народов

Европы. Разные исследователи помещали его от ранней бронзы до начала новой эры, но супер-ветви дают более узкий интервал между IX и II веками до н.э. Это соответствует завершающему этапу лужицкой археологической культуры и времени существования культур железного века: поморской, милоградской и подклёшевых погребений (Седов 1994, сс. 120-148). В тот же самый интервал попадают датировки других значительных ветвей гаплогруппы R1a (в частности, R-Y2609: https://www.yfull.com/tree/R-Y2609/; R-L1280: https://www.yfull.com/tree/R-L1280/; R-S18681: https://www.yfull.com/tree/R-S18681/; R-YP578: https://www.yfull.com/tree/R-YP578/), также специфических для славян, но уступающих в численности супер-ветвям, что не позволило составить для них карты, сопоставимые по статистической достоверности. В контексте демографии это означает, что в среде населения из перечисленных выше культур начался численный рост генеалогических линий, с момента своего возникновения находившихся в среде славянских народов. Археологические, лингвистические и демографические трактовки этногенеза славян не обязаны совпадать, но в случае, если их выводы оказываются диаметрально противоположными, последняя дает более объективные результаты, поскольку опирается на статистические данные и математический аппарат ДНК-генеалогии, а не на субъективное мнение или (нередко мнимый) консенсус специалистов. Из проведенного выше анализа можно заключить, что во времена зрелой античности (при жизни Геродота, в частности) славяне уже существовали как отдельная этническая группа, связанная, помимо языка, представлением об общности своего происхождения. Где тогда жили славянские племена, и под какими названиями они были известны античным авторам, ДНК-генеалогия сама по себе ответа дать не может без помощи других дисциплин, из которых палеогенетика сейчас становится одной из наиболее важных.

Каждая из 5 супер-ветвей имеет собственную, отличную от других географию, которая, к прогнозируемому разочарованию историков, не дает однозначных совпадений с археологическими культурами или летописными сведениями о местах проживания славянских племен. Причина подобного расхождения кроется, в первую очередь, во временно́м разрыве между началом численного роста ветви и расселением славян со своей исторической родины. За несколько столетий до начала массовых миграций супер-ветви набрали достаточно большую численность, чтобы быть представленными не в каком-то одном, а в нескольких племенах, пути которых впоследствии разошлись. О стадии быстрого начального роста каждой их этих линий можно судить по характерной структуре их ветвления. Дочерние ветви, идентифицированные при анализе снипов, оказываются неразличимыми, если сравнивать гаплотипы их носителей даже в самом высоком разрешении. Образно говоря, расхождение по маркерам в STR (повторяющихся сегментах) «не поспевало» за возникновением новых дочерних ветвей. Характерный пример подобной структуры – дерево центрально-европейской ветви (R-CTS11962), в котором гаплотипы из разных ветвей перемешаны в произвольном порядке (Рис. 9).

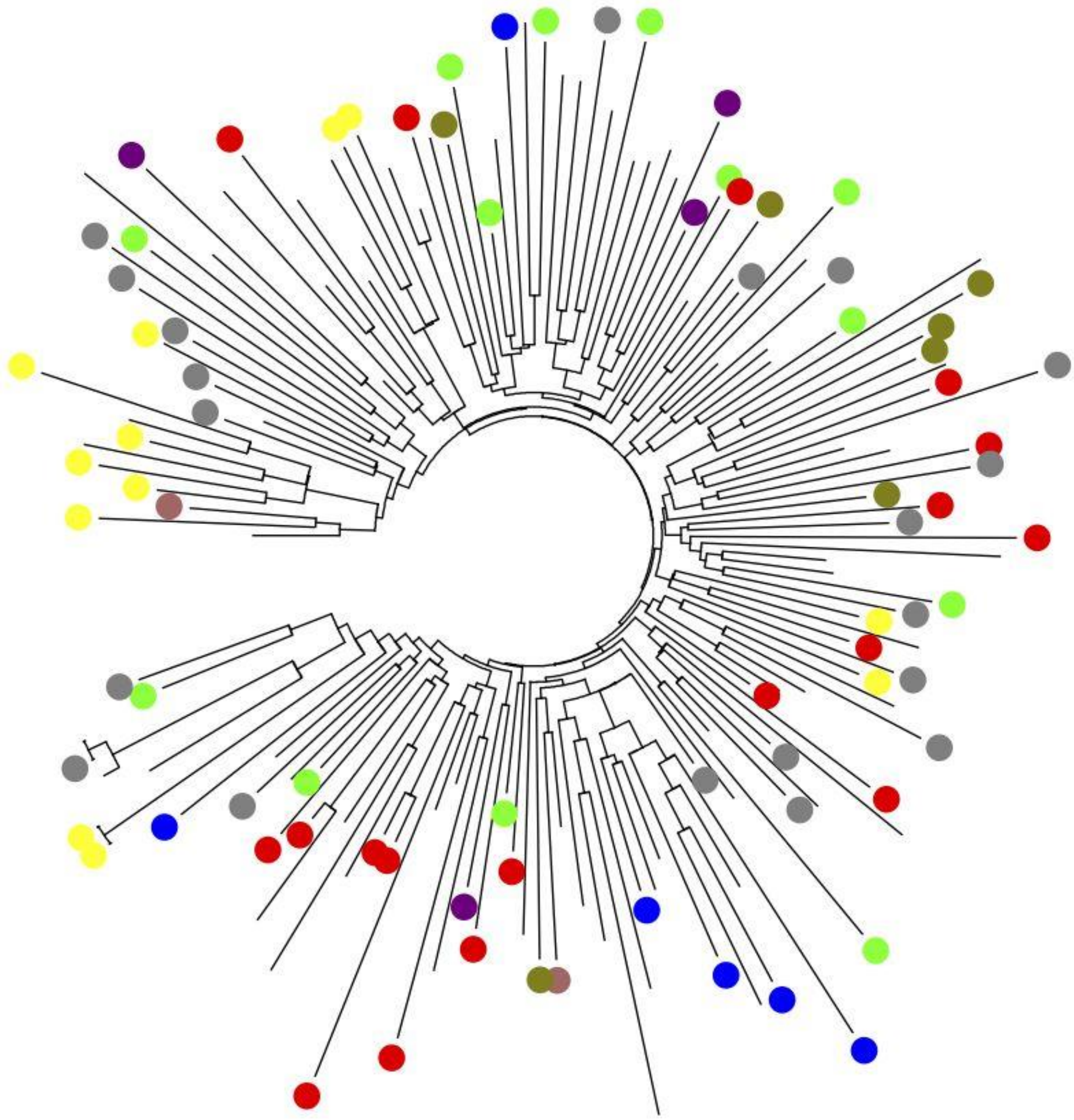

Рис. 9. Дерево 111-маркерных гаплотипов ветви R- CTS11962.
Цветными кружками отмечены гаплотипы, принадлежащие той или иной дочерней ветви, согласно анализу на снипы

Поскольку карты супер-ветвей не совпадают одна с другой, можно сделать вывод, что эти линии были распределены в пределах исходного славянского ареала неравномерно, а сложившиеся к началу миграций соотношения в значительной мере сохранились среди сельского населения вплоть до конца XIX века. Тонкие детали начального распределения пока реконструировать не удается, но есть возможность выделить в славянском мире (включая венгров и восточных немцев славянского происхождения) 3 группы, каждая со своим характерным набором супер-ветвей (рис. 10).

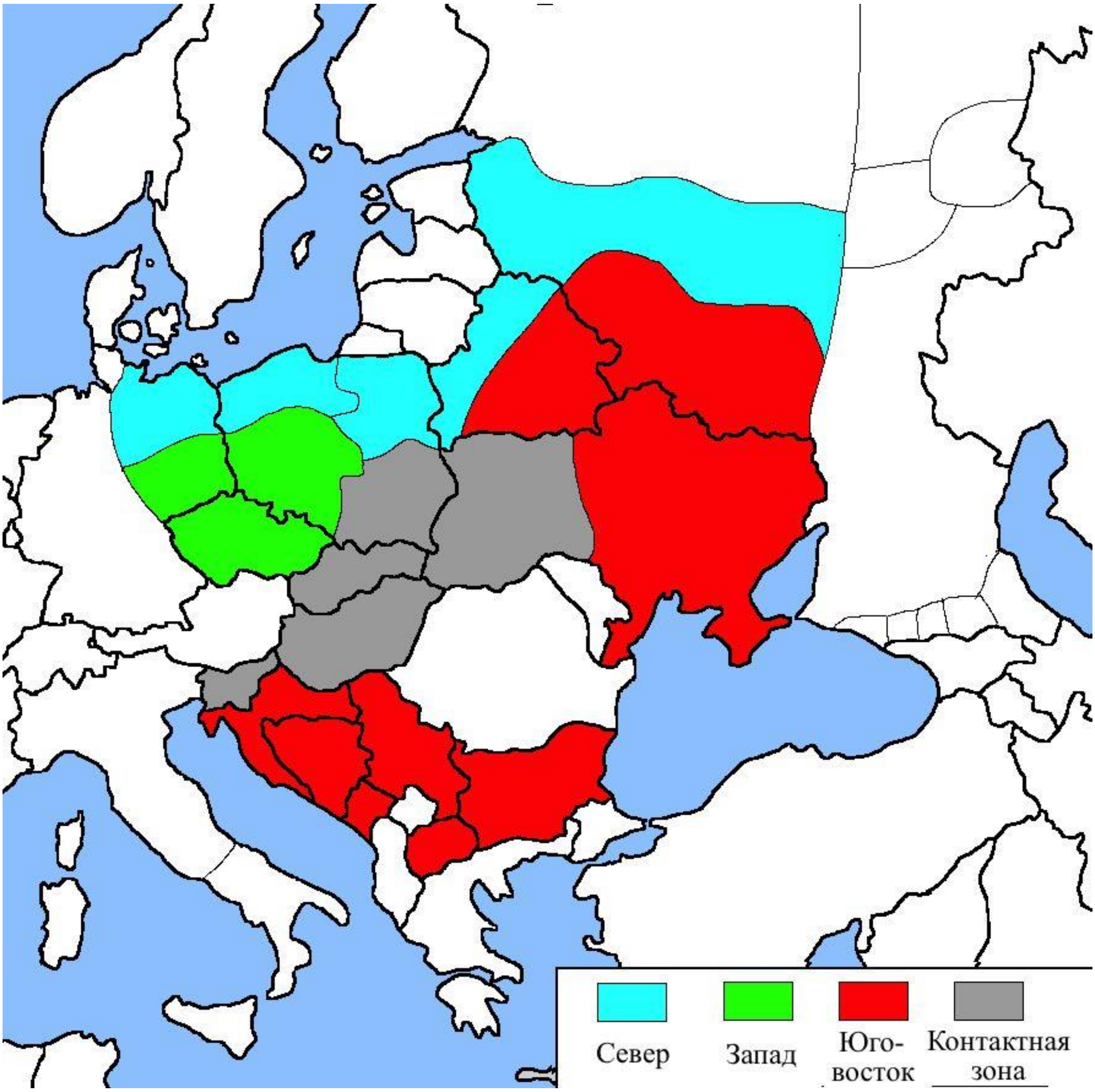

Рис. 10. Регионы славянского мира, реконструированные по данным Y-ДНК

Наиболее заметно из этих регионов выделяется западный, в котором на значимом уровне распространены только 2 супер-ветви из 5, а именно центрально-европейская (R-CTS11962) и западнославянская (R-L260). Их суммарная доля достигает абсолютного максимума в 48-66 % (70 из 123) в выборке лужицких сербов на востоке Германии (Rębała 2013). Обе ветви являются частью субклада R-M458, зародившегося 5600-3800 лет назад (https://www.yfull.com/tree/R-M458/). Юго-восточный регион характеризуется, прежде всего, высокой долей «динарской» ветви I-CTS10228, к которой в его северной части добавляется восточная карпатская ветвь (R-Y2902). Северный регион выделяется благодаря центрально-европейской (R-CTS11962) и северной евразийской-1 (R-YP569) ветвям. Хотя последняя почти отсутствует в Поморье и Мекленбурге, они также были включены в северный регион, поскольку на их территории резко падает доля западнославянской ветви, что предполагает для их жителей времен раннего Средневековья историю, отличную от соседей из западного региона. Границы между регионами довольно размыты в силу естественных причин, а потому на карте на рис. 10 отмечена также контактная зона от Прикарпатья до Словении, где смешаны линии, характерные для западного и юго-восточного регионов. Автор не ставит целью дать немедленную историко-лингвистическую интерпретацию выявленного деления славянского мира, и на данный момент ограничится краткими характеристиками каждой из супер-ветвей.

«Динарская» ветвь I-CTS10228 (рис. 4) выделяется среди остальных как своей численностью, так и принадлежностью к гаплогруппе I2, наиболее распространенной в Европе эпохи мезолита, но затем уступившей свое положение ныне доминирующим гаплогруппам R1a и R1b. Начиная с времени обнаружения (Semino 2000), ее носителей принято было относить к потомкам древнейшего населения Балканского полуострова, поскольку в его западной части их доля была максимальной. Применительно к славянским миграциям, географическое распространение ветви I-CTS10228 рассматривалось как одно из доказательств переселения славян с Дуная, упомянутого в «Повести временных лет». Однако, при анализе ископаемой ДНК на Балканах не было обнаружено ветвей гаплогруппы I2, к которым могла бы восходить CTS10228. Сообщается о других ветвях, не находящихся с ней в прямом родстве и ныне практически исчезнувших на юго-востоке Европы (Рожанский 2017). Ветвь I2a1b-M423, родительская для «динарской», обнаружена в основном в ископаемых образцах с севера Европы (Англия, Швеция, Германия, Латвия). Современные носители наиболее близкой к ней родительской ветви I-L621 (https://www.yfull.com/tree/I-L621/) также живут далеко от Балканского полуострова - на Британских Островах, во Франции (Эльзас), Германии и Польше. Если к этим данным добавить низкую долю ветви CTS10228 у албанцев (https://www.familytreedna.com/public/AlbanianBloodlines?iframe=yresults), то ее балканское происхождение представляется маловероятным. Современный пик на Динарском нагорье – это, очевидно, следствие недавних демографических событий (например, ухода дославянского населения Иллирии во время Великого Переселения Народов), а не места рождения предка. Если второй пик в Полесье маркирует место, где начался ее рост, то для заселения юго-восточного региона славянского мира реконструируется путь с северо-востока на юго-запад. Находка ископаемого гаплотипа во Владимире домонгольского времени (табл. 1, № 14) пока остается единственной, и для дальнейшей работы по выяснению истории этой ветви необходимы новые данные палеогенетики.

Центрально-европейская ветвь R-CTS11962 (рис. 5) единственная из 5 супер-ветвей представлена на значимом уровне во всех регионах. За пределами славянского мира центрально-европейская ветвь встречается также у датчан, шведов с юга Швеции, татар и евреев-ашкенази. У последних это линия, начавшая рост 1200±170 лет назад и маркируемая последовательностью снипов CTS11962 > L1029 > YP417 >

YP418 > YP1013 > YP4848. В отличие от I-CTS10228, в которой дочерние ветви рассеяны равномерно по всему ее ареалу, центрально-европейская ветвь показывает их территориальное разделение. В восточной части, со значительным перевесом преобладает дочерняя ветвь YP417 (отмечена красными кружками на рис. 9), которая, в свою очередь, практически отсутствует к западу от Белоруссии. Это можно рассматривать как след миграции одной из групп славян через территорию Белоруссии, Смоленской, Псковской и Новгородской областей в восточном направлении. Все остальные дочерние ветви распространены в западной части, а их присутствие в Мекленбурге, Дании и на юге Швеции дает основание считать, что они были одними из основных генеалогических линий у полабских славян. Ископаемый образец с о. Узедом в устье Одера (табл. 1, № 15) косвенно подтверждает такое предположение. У него не определяли снипы, нисходящие от M458, но низкая доля родственной западнославянской ветви L260 у балтийского побережья дает основание считать, что отнесение к центрально-европейской ветви наиболее вероятно. Пути попадания ветви R-CTS11962 в среду татар и евреев пока не восстанавливаются в деталях, что позволили бы предложить непротиворечивую трактовку.

Западнославянская ветвь R-L260 (рис. 6), в отличие от родственной центрально-европейской, имеет самый компактный ареал из всех супер-ветвей. Он ограничен западным регионом, а за его пределами захватывает юго-восток Польши, Словакию, Венгрию и Украину. Хотя история этой ветви начинается 2800-2300 лет назад, ее территориальное расширение, очевидно, датируется более поздним временем, а до того ее носители жили на ограниченной территории и мало смешивались с соседями. Поскольку карта западнославянской ветви почти точно накладывается на карту пражско-корчакской культуры V-VII веков (Седов 1995: 7-39), миграции носителей ветви можно датировать временем существования культуры, которую признают славянской даже самые скептически настроенные исследователи. Косвенную информацию о том, в состав каких восточнославянских племен входили представители западнославянской ветви, дают результаты тестирования современных представителей русских дворянских родов (https://www.familytreedna.com/public/RussianNobilityDNA/default.aspx?section=yresults). К ветви L260 принадлежит группа из четырех участников проекта, возводящих свой род к черниговской ветви династии Рюриковичей. Их общий предок жил в промежуток времени между VI и XII веками и, очевидно, принадлежал к племенной знати полян или северян, населявших Черниговскую землю.

Восточная карпатская ветвь R-Y2902 (рис. 7), принадлежащая к субкладу R1a-Z280, наиболее распространена на юге России, но имеет также второй, менее выраженный максимум в карпатском регионе (откуда название). В своей восточной части, представленной преимущественно дочерней ветвью Y2910, она занимает земли племен вятичей и славян верхнего Дона. Название последних не дошло до наших дней, но существование собственного диалекта этого племени было предсказано по лингвистическим данным (Николаев 1994). Максимум в Карпатах достигается за счет дочерней ветви Y3219, а его существование может указывать на события, приведшие к разрыву прежде единого ареала восточной карпатской ветви. Их трактовка и датировка пока неясны.

Северная евразийская-1 ветвь R-YP569 (рис. 8), также принадлежащая к субкладу R1a-Z280, встречается почти исключительно у восточных славян, достигая максимума в центральной части России. За пределами славянского мира эта ветвь составляет значимую долю у литовцев (17 из 289 в списке IRAKAZ) и карел (8 из 105), что может указывать на ее корни в Восточной Прибалтике. С этим предположением согласуется принадлежность ветви YP569 к субкладу Z92, характерному для жителей Прибалтики и северо-востока Польше, а также находка ископаемой ДНК в Литве позднего бронзового века (табл. 1, № 1). У этого образца был идентифицирован снип YP617 (https://www.yfull.com/tree/R-YP617/), находящийся на дереве гаплогруппы R1a непосредственно над YP569.

ВЫВОДЫ

Анализ масштабной выборки Y-ДНК Восточной и Центрадьной Европы позволил выявить линии, происхождение которых связано с выделением славянских народов как отдельной этнической группы. В силу своей численности (от 10 до 35 миллионов носителей каждая) и особенностей структуры они получили название супер-ветвей. Начало их роста в IX-II веках до н.э. можно считать независимым подтверждением, что в ту эпоху славянские (в этническом и языковом смыслах) племена уже существовали, но под какими названиями они фигурировали в современных им источниках, пока неизвестно. На рубеже нашей эры произошло разделение этих племен на несколько групп, из которых по современным данным можно реконструировать западную, юго-восточную и северную. Классификация по супер-ветвям лишь частично совпадает с современным делением славян по языковым группам и интерпретациями археологических культур, что дает возможность уточнить существующие концепции ранней истории славян, а также выбрать из них наименее противоречащие объективным демографическим данным. В настоящей работе не ставилась задача установить прародину славян, а также соотнести найденные группы и супер-ветви с теми или иными археологическими культурами или племенными объединениями, за исключением нескольких случаев, когда такая связь очевидна. Дальнейшая работа с полученными данными предполагает более глубокое сопоставление с материалом, накопленным в смежных дисциплинах, а также в палеогенетике, по мере поступления новых находок.

ЛИТЕРАТУРА

Алексеева 2002 - Восточные славяне: антропология и этническая история / Отв. ред. Т.И. Алексеева. М.: Научный мир, 2002. 341 с.

Дыбо и др. 1990 - *Дыбо В.А., Замятина Г.И., Николаев С.Л.* Основы славянской акцентологии. М.: Наука, 1990. 284 с.

Захарова, Орлова 2004 - *Захарова К.Ф., Орлова В.Г.* Диалектное членение русского языка. Второе издание. М.: Едиториал УРСС, 2004. 176 с.

Клёсов 2016 - *Клёсов А.А.* Миграции ариев по данным ДНК-генеалогии // Исторический формат. 2016. № 2. С. 127-156.

Мустафин 2017 - *Мустафин Х.Х. и др.* Первые результаты определения Y-хромосомной гаплогруппы для Средневекового захоронения XVI-XVII вв. в Радонеже (Московская область) // Русин. 2017. № 1 (47). С. 645-650.

Нидерле 1956 - *Нидерле Л.* Славянские древности / Перевод Т. Ковалевой и М. Хазанова. М.: Издательство иностранной литературы, 1956. 582 с.

Николаев 1994 - *Николаев С.Л.* Раннее диалектное членение и внешние связи восточнославянских диалектов // Вопросы языкознания. 1994. № 3. С. 23-49.

Рожанский 2013 - *Рожанский И.Л. и др*. Белорусы: этногенез и связь с другими славянскими народами с позиции ДНК-генеалогии // Наука и инновации. Научно-практический журнал (Минск). 2013. № 3 (121). С. 55-62.

Рожанский 2017 - *Рожанский И.Л.* Исторические гаплокарты: обзор данных по ископаемой ДНК // Исторический формат. 2017. № 1-2. С. 92-114.

Седов 1994 - *Седов В.В.* Славяне в древности. М.: Фонд археологии, 1994. 343 с.

Седов 1995 - *Седов В.В.* Славяне в раннем Средневековье. М.: Фонд археологии, 1995. 416 с.

Чекунова 2014 - *Чекунова Е.М. и др*. Первые результаты генотипирования коренных жителей и человеческих костных останков из археологических памятников Верхнего Подвинья // Археология озёрных поселений IV-II тыс. до н.э.: хронология культур и природно-климатические ритмы. СПб.: Периферия, 2014. С. 287-294.

Шафарик 1847 - *Шафарик П.И.* Славянские древности / Перевод О.М. Бодянского. М.: Университетская типография, 1847. 1743 с.

Bogdanowicz 2009 - *Bogdanowicz W. et al.* Genetic identification of putative remains of the famous astronomer Nicolaus Copernicus // PNAS. 2009. V. 106. P. 12279-12282.

Freder 2010 - *Freder J.* Die mittelalterlichen Skelette von Usedom // Dissertation Freie Universität Berlin, 2010.

Fu 2016 - *Fu Q. et al.* The genetic history of Ice Age Europe // Nature. 2016. V. 534. P. 200-205.

Karachanak 2013 - *Karachanak S. et al.* Y-Chromosome Diversity in Modern Bulgarians: New Clues about Their Ancestry // PLOSone. 2013. March 6. DOI: 10.1371/journal.pone.0056779.

Kubalek 2008 - *Kubálek P. et al.* Blízkovýchodní haplotyp u pohřbu mladého muže s rozštěpem lebky z raně středověkého pohřebiště na Tetíně // Archeologie ve středních Čechách. 2008. V. 12. P. 645-650.

Mittnik 2018 - *Mittnik A. et al.* The genetic prehistory of the Baltic Sea region // Nature Commun. 2018. V. 9. Article number: 442.

Purps 2014 - *Purps J. et al*. A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci // Forensic Sci. Int.: Genetics. 2014. V. 12. P. 12-23.

Rębała 2013 - *Rębała K. et al.* Contemporary paternal genetic landscape of Polish and German populations: from early medieval Slavic expansion to post-World War II resettlements // Eur. J. Hum. Genet. 2013. V. 21. P. 415-422.

Semino 2000 - *Semino O. et al*. The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective // Science. 2000. V. 290. P. 1155-1159.

Sikora 2017 - *Sikora M. et al.* Ancient genomes show social and reproductive behavior of early Upper Paleolithic foragers // Science. 2017. V. 358. P. 659-662.

Vanek 2018 - *Vanek.* 2018 / Электронный ресурс: http://www.ysearch.org/search_view.asp?uid=U98VT&viewuid=U98VT&p=1 (Дата обращения – 02.02.2018).

Y-SNP 2018 - Y-SNP calls from ancient Northern Europe. 2018 / Электронный ресурс: https://genetiker.wordpress.com/2018/01/31/y-snp-calls-from-ancient-northern-europe/ (Дата обращения – 02.02.2018).

REFERENCES

Alekseeva 2002 - Vostochnye slavyane: antropologiya i ehtnicheskaya istoriya / Otv. red. T.I. Alekseeva [East Slavs: anthropology and ethnic history / Editor-in-chief T.I. Alekseeva], Moscow, Nauchnyj mir Publ., 2002, 341 p. [in Russian].

Bogdanowicz 2009 - *Bogdanowicz W. et al.* Genetic identification of putative remains of the famous astronomer Nicolaus Copernicus, in: PNAS, 2009, V. 106, pp. 12279-12282 [in English].

Chekunova 2014 - *Chekunova E.M. i dr.* Pervye rezul'taty genotipirovaniya korennyh zhitelej i chelovecheskih kostnyh ostankov iz arheologicheskih pamyatnikov Verhnego Podvin'ya [The first results of genotyping of aboriginals and human bone remains from archaeological monuments of Top Podvinya], in: Arheologiya ozyornyh poselenij IV-II tys. do n.eh.: hronologiya kul'tur i prirodno-klimaticheskie ritmy [Archeology of lake settlements IV-II thousand BC: chronology of cultures and climatic rhythms], St. Petersburg, Periferiya Publ., 2014, pp. 287-294 [in Russian].

Dybo i dr. 1990 - *Dybo V.A., Zamyatina G.I., Nikolaev S.L.* Osnovy slavyanskoj akcentologii [Fundamentals of Slavic accentology], Moscow, Nauka Publ., 1990, 284 p. [in Russian].

Freder 2010 - *Freder J.* Die mittelalterlichen Skelette von Usedom, in: Dissertation Freie Universität Berlin, 2010 [in English].

Fu 2016 - *Fu Q. et al.* The genetic history of Ice Age Europe, in: Nature, 2016, V. 534, pp. 200-205 [in English].

Karachanak 2013 - *Karachanak S. et al.* Y-Chromosome Diversity in Modern Bulgarians: New Clues about Their Ancestry, in: PLOSone, 2013, March 6, DOI: 10.1371/journal.pone.0056779 [in English].

Klyosov 2016 - *Klyosov A.A.* Migracii ariev po dannym DNK-genealogii [Migrations of the Aryans in Light of DNA Genealogy], in: Istoricheskij format [Historical format], 2016, № 2, pp. 127-156 [in Russian].

Kubalek 2008 - *Kubálek P. et al.* Blízkovýchodní haplotyp u pohřbu mladého muže s rozštěpem lebky z raně středověkého pohřebiště na Tetíně, in: Archeologie ve středních Čechách, 2008, V. 12, pp. 645-650 [in English].

Mittnik 2018 - *Mittnik A. et al.* The genetic prehistory of the Baltic Sea region, in: Nature Commun, 2018, V. 9, Article number: 442 [in English].

Mustafin 2017 - *Mustafin H.H. i dr.* Pervye rezul'taty opredeleniya Y-hromosomnoj gaplogruppy dlya Srednevekovogo zahoroneniya XVI-XVII vv. v Radonezhe (Moskovskaya oblast') [The first results of definition of a Y-DNA haplogroup testing for a Medieval Russian burial of the 16 th -17th centuries in Radonezh (Moscow area)], in: Rusin [Rusin], 2017, № 1 (47), pp. 645-650 [in Russian].

Niderle 1956 - *Niderle L.* Slavyanskie drevnosti / Perevod T. Kovalevoj i M. Hazanova [Slavic antiquities / Translation of T. Kovalyova and M. Hazanov], Moscow, Izdatel'stvo inostrannoj literatury Publ., 1956, 582 p. [in Russian].

Nikolaev 1994 - *Nikolaev S.L.* Rannee dialektnoe chlenenie i vneshnie svyazi vostochnoslavyanskih dialektov [Early dialect partitioning and external relations of East Slavic dialects], in: Voprosy yazykoznaniya [Linguistics questions], 1994, № 3, pp. 23-49 [in Russian].

Purps 2014 - *Purps J. et al*. A global analysis of Y-chromosomal haplotype diversity for 23 STR loci, in: Forensic Sci. Int.: Genetics, 2014, V. 12, pp. 12-23 [in English].

Rębała 2013 - *Rębała K. et al.* Contemporary paternal genetic landscape of Polish and German populations: from early medieval Slavic expansion to post-World War II resettlements, in: Eur. J. Hum. Genet, 2013, V. 21, pp. 415-422 [in English].

Rozhanskij 2013 - *Rozhanskij I.L. i dr.* Belorusy: ehtnogenez i svyaz' s drugimi slavyanskimi narodami s pozicii DNK-genealogii [Belarusians: ethnogenesis and communication with other Slavic people from a DNA genealogy position], in: Nauka i innovacii. Nauchno-prakticheskij zhurnal (Minsk) [Science and innovations. Scientific and practical magazine (Minsk)], 2013, № 3 (121), pp. 55-62 [in Russian].

Rozhanskij 2017 - *Rozhanskij I.L.* Istoricheskie gaplokarty: obzor dannyh po iskopaemoj DNK [Historical Haplomaps: Review of ancient Y-DNA Data], in: Istoricheskij format [Historical format], 2017, № 1-2, pp. 92-114 [in Russian].

Sedov 1994 - *Sedov V.V.* Slavyane v drevnosti [Slavs in the ancient time], Moscow, Fond arheologii Publ., 1994, 343 p. [in Russian].

Sedov 1995 - *Sedov V.V.* Slavyane v rannem Srednevekov'e [Slavs in the early Middle Ages], Moscow, Fond arheologii Publ., 1995, 416 p. [in Russian].

Semino 2000 - *Semino O. et al*. The Genetic Legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective, in: Science, 2000, V. 290, pp. 1155-1159 [in English].

Shafarik 1847 - *Shafarik P.I.* Slavyanskie drevnosti / Perevod O.M. Bodyanskogo [Slavic antiquities / O.M. Bodyansky's translation], Moscow, Universitetskaya tipografiya Publ., 1847, 1743 p. [in Russian].

Sikora 2017 - *Sikora M. et al.* Ancient genomes show social and reproductive behavior of early Upper Paleolithic foragers, in: Science, 2017, V. 358, pp. 659-662 [in English].

Vanek 2018 - *Vanek.* 2018, Electronic resource: http://www.ysearch.org/search_view.asp?uid=U98VT&viewuid=U98VT&p=1 (Date of access – 02.02.2018) [in English].

Y-SNP 2018 - Y-SNP calls from ancient Northern Europe, 2018, Electronic resource: https://genetiker.wordpress.com/2018/01/31/y-snp-calls-from-ancient-northern-europe/ (Date of access – 02.02.2018) [in English].

Zaharova, Orlova 2004 - *Zaharova K.F., Orlova V.G.* Dialektnoe chlenenie russkogo yazyka. Vtoroe izdanie [Dialect partitioning of Russian. Second edition], Moscow, Editorial URSS Publ., 2004, 176 p. [in Russian].

Рожанский Игорь Львович – Кандидат химических наук,
член Научного совета Академии ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония).
Igor Rozhanskii – Candidate of chemical sciences,
Member of Scientific Council of the Academy of DNA-Genealogy (Tsukuba, Japan).
E-mail: igorrozhanskii@gmail.com