

© Е. И. Кушнеревич¹,
Л. Н. Сивицкая¹, А. В. Богачева²,
С. А. Котова², И. С. Цыбовский²,
О. Г. Давыденко¹

¹ ГНУ «Институт генетики
и цитологии НАН Беларуси»,
Минск, Беларусь

² ГУ «Центр судебных экспертиз
и криминалистики Министерства
юстиции Республики Беларусь»,
Минск, Беларусь

✿ **Исследование гаплогруппы *R1a1a7 (M458)* у этнических белорусов в шести историко-этнографических регионах показало, что ее частота составляет 14,5 %. Выявлена более высокая концентрация носителей производного аллеля *G* маркера *M458* Y хромосомы в бассейнах р. Припять и р. Неман, т. е. на юге и на западе Беларуси. Экспансия гаплогруппы *R1a1a7 (M458)* на территории современной Беларуси по всей вероятности была ассоциирована с распространением земледелия в Восточной Европе. Полученные данные также указывают на возможность более поздней волны миграции, в частности, полабских славян, из междуречья Эльбы и Одера в бассейн реки Неман на грани I–II тысячелетий.**

✿ **Ключевые слова:** белорусы; славяне; Y хромосома; гаплогруппа; гаплотип.

ГАПЛОГРУППА *R1A1A7(M458)* Y ХРОМОСОМЫ СОВРЕМЕННЫХ БЕЛОРУСОВ И МИГРАЦИИ ПРЕДКОВ СЛАВЯН НА ТЕРРИТОРИИ БЕЛАРУСИ

ВВЕДЕНИЕ

Гаплогруппа *R1a1a (M17)* Y хромосомы распространена исключительно в пределах Евразийского континента. Распределение частот этой гаплогруппы носит мультимодальный характер — показано два центра доминирования, в которых на долю *R1a1a (M17)* приходится более половины местного разнообразия Y хромосомы. Одним из таких центров является Южная Азия, другим — Центральная и Восточная Европа. Частота гаплогруппы *R1a1a (M17)* в популяциях южной Азии достигает 60 % (Sharma et al., 2009). Для этого региона получены высокие показатели разнообразия микросателлитов Y хромосомы — 0,52; для сравнения, в Центральной Азии он составляет 0,32, в Европе — 0,4. Наибольшие значения накопленной микросателлитной изменчивости также получены для гаплогруппы *R1a1a (M17)* в Южной Азии — около 14 тыс. лет для популяций Пакистана и Индии, по сравнению с 9–11 тыс. лет в популяциях Центральной Азии и Европы. На основании этих данных авторы предположили, что гаплогруппа *R1a1a (M17)* возникла на северо-западе полуострова Индостан, откуда в дальнейшем распространилась в Центральную Азию и Европу (Sharma et al., 2009).

В Центральной и Восточной Европе гаплогруппа *R1a1a (M17)* формирует второй центр доминирования (Semino et al., 2000; Balanovsky et al., 2009; Battaglia et al., 2009). Наибольшие значения частот показаны для поляков, белорусов и русских западной части России, у которых гаплогруппа *R1a1a (M17)* составляет около 50 % (Kayser et al., 2005; Kushniarevich et al., 2007; Balanovsky et al., 2009). Распределение частот этой гаплогруппы на восточно-европейском географическом пространстве носит клинальный характер, что выражается в постепенном уменьшении значения частоты с увеличением расстояния от центра доминирования. У украинцев, находящихся южнее вышеупомянутого центра доминирования, она составляет около 40 %, также как и севернее в популяциях прибалтийского региона (Kharkov et al., 2004; Lappalainen et al., 2008). У немцев, западных соседей славян, частота этой гаплогруппы составляет около 18 % (Kayser et al., 2005; Underhill et al., 2009). Очевидно, что гаплогруппа *R1a1a (M17)* является характерной чертой пула гаплогрупп Y хромосомы восточных, западных славян, а также популяций прибалтийского региона.

ФИЛОГЕНИЯ ГАПЛОГРУППЫ *R1A1A (M17)*

До 2009 г. филогения гаплогруппы *R1a1a (M17)* была описана немногочисленными биаллельными маркерами, которые определяли пять внутренних ветвей — *R1a1a-R1a1e* (Karafet et al., 2008). Но исследования показали, что эти маркеры характеризуются низкой изменчивостью в популяциях, и, следовательно, неинформативны для изучения популяционного разнообразия Y хромосомы. Детальное исследование гаплогруппы *R1a1a (M17)* выполнено П. Андерхиллом и соавт. (Underhill et al., 2009). В работе авторы сообщают о семи внутренних ветвях гаплогруппы *R1a1a (M17)* (*R1a1a1–R1a1a7*) (рис. 1). Однако и в обновленной номенклатуре только два биаллельных маркера — *M458*, *M434* — продемонстрировали сравнительно высокий уровень варируемости в регионах. *R1a1a6* — дочерняя ветвь гаплогруппы *R1a1a (M17)*, которую определяет биаллельный маркер *M434*. Особенностью филогеографии этой ветви является ее

Поступила в редакцию 04.08.2010.
Принята к публикации 07.12.2010.

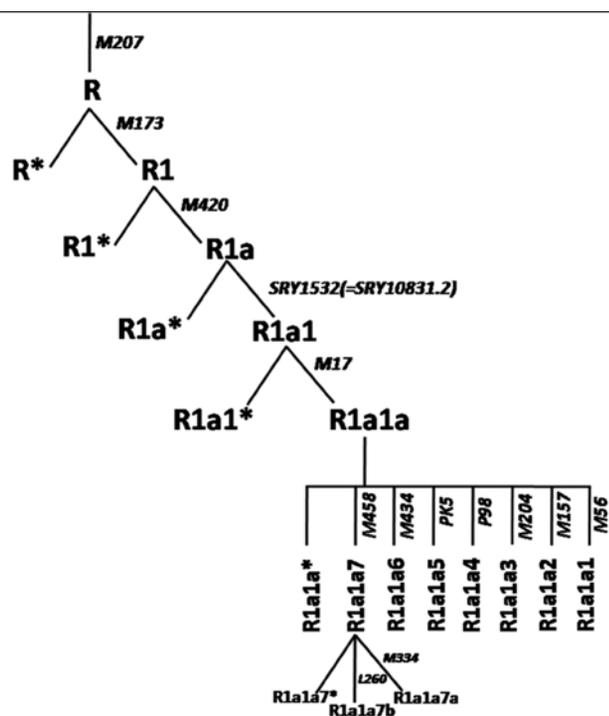


Рис. 1. Схема филогении гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*) (согласно существующей номенклатуре гаплогрупп Y хромосомы: Underhill et al., 2009; International Society of Genetic Genealogy, 2010)

доминирование в популяциях южной Азии. В частности, в Пакистане и в Индии ее частота достигает 70 % от общего количества гаплогруппы *R1a1a* (*M17*), в то время как она практически отсутствует в регионе Ближнего Востока и в Европе (Underhill et al., 2009).

Вторая ветвь — *R1a1a7*, определяется маркером *M458*, распространена главным образом в популяциях Центральной, Восточной и Северной Европы и полностью отсутствует в композиции гаплогрупп Y хромосомы популяций Азии. Ее частота у поляков, словаков, чехов составляет 25–35 % от общего пула Y хромосомы или около 50 % от частоты гаплогруппы *R1a1a* (*M17*). Анализ разнообразия микросателлитов гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) показал, что оно наибольшее в популяции поляков. Авторы предположили, что гаплогруппа *R1a1a7* (*M458*) возникла на территории современной Польши, откуда она распространилась на соседние территории, и, по всей вероятности, имело место демическое распространение носителей *R1a1a7* (*M458*), т. е. быстрое увеличение численности людей и их расселение в период Мезолит–Неолит (около 10–9 тыс. лет назад) (Underhill et al., 2009).

ГАПЛОГРУППА *R1A1* (*SRY1532*) В КОМПОЗИЦИИ ГАПЛОГРУПП Y ХРОМОСОМЫ БЕЛОРУСОВ

На долю гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*) Y хромосомы белорусов приходится 50,6 % (Khar'kov et al., 2005;

Kushniarevich et al., 2007). Частота этой гаплогруппы варьирует незначительно в популяциях шести историко-географических регионов Беларуси, демонстрируя относительную однородность Y хромосомы белорусов по биаллельному маркеру *SRY1532A*. Данные по частоте и распространению гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) как единственной известной европейской внутренней ветви доминирующей гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*) в популяции белорусов отсутствуют. Поскольку гаплогруппа *R1a1a7* (*M458*) преобладает в первую очередь в славяно-говорящих популяциях Европы, то данные по разнообразию этой линии Y хромосомы белорусов являются очень важными для исследования процессов формирования, как всех индоевропейцев, так и славян в частности.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Выявление особенностей пула Y хромосомы популяции современных белорусов на основании анализа филогении и филогеографии доминирующей гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*) и ее ветви *R1a1a7* (*M458*).

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Образцы

- А) Для изучения популяционных частот гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) была использована выборка этнических белорусов из 565 человек и полученные для нее ранее данные по частотам гаплогрупп Y хромосомы (Kushniarevich et al., 2007). Выполнено генотипирование образцов, принадлежащих к гаплогруппе *R1a1* (*SRY1532*), по биаллельному маркеру *M458* (табл. 1).
- Б) Для изучения филогении гаплогрупп *R1a1* (*SRY1532*) и *R1a1a7* (*M458*) белорусов целесообразным являлось увеличение имеющихся выборок этих гаплогрупп. Для этого проведено генотипирование образцов тотальной ДНК этнических белорусов из лабораторной коллекции, представителей всех географических регионов, по трем информативным биаллельным маркерам в иерархичном порядке без анализа полного спектра гаплогрупп: маркера *M9*, маркера *SRY1532* и маркера *M458*. Итоговая выборка образцов, принадлежащих к гаплогруппе *R1a1* (*SRY1532A*), дополнена 92 образцами и составила 378, из которых число *R1a1a7* (*M458G*) составило 106 (табл. 1).

Генотипирование молекулярных маркеров Y хромосомы

Структура праймеров и условия генотипирования биаллельных маркеров Y хромосомы представлены в таблице 2. Генотипирование микросателлитных локусов *DYS19*, *DYS385a*, *DYS385b*, *DYS389I*, *DYS389II*, *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393*, *DYS437*, *DYS438*, *DYS439*, *DYS448*, *DYS456*, *DYS458*, *H4* проведено с использова-

Таблица 1

Объем выборок для исследования гаплогрупп *R1a* (SRY1532) и *R1a1a7* (M458)

Регионы Беларуси	Выборка образцов для популяционных исследований гаплогруппы <i>R1a1a7</i> (M458)			Выборка образцов для исследования филогении гаплогрупп <i>R1a1</i> (SRY1532) и <i>R1a1a7</i> (M458)		
	Количество образцов в регионе	Выборка <i>R1a1a7</i> (M458)	<i>R1a</i> * (xM458)	Прежняя выборка образцов <i>R1a1</i> (SRY1532A)	Дополненная выборка <i>R1a1</i> (SRY1532A)	Дополненная выборка образцов <i>R1a1a7</i> (M458G)
Поднепровье	86	8	41	49	68	12
Центральный	88	16	28	44	59	22
Восточное Полесье	96	23	18	41	55	26
Западное Полесье	121	12	42	54	74	16
Подвинье	101	10	46	56	72	15
Понеманье	73	13	29	42	50	15
Всего	565	82	204	286	378	106

Таблица 2

Биаллельные маркеры Y хромосомы и условия их генотипирования

Биаллельный маркер	Последовательность праймеров	T° от-жиги	Нуклеотидная замена	Условия генотипирования	Ссылка
M9	F 5' — gcagcatataaaaactttcagga R 5' — gtaagacattgaacgtttgaaca	50°	C—G	ПДРФ, <i>HinfI</i>	(Whitfield et al., 1995)
SRY1532	F 5' — atagcaaaaaatgacacaaggc R 5' — tccttagcaaccattaatctgg	58°	G—A	ПДРФ, <i>DraIII</i>	(Whitfield et al., 1995)
M458	F 5' — agaagagatttctagccagagt R 5' — ccagaaaaaataattcctgga	53°	A—G	ПДРФ, <i>NlaIII</i>	(Underhill et al., 2009)

нием меченых *FAM*, *TMR* и *JOE* праймеров, описанных у Дж. Батлера (Butler et al., 2002). Размер аллелей определен методом капиллярного электрофореза на автоматическом секвенаторе «MegaBACE 750» с использованием внутреннего стандарта размера «ET550-R Size Standard»; электрофореграммы проанализированы с помощью прилагаемого программного пакета «MegaBACE Genetic Profiler v.2.2».

Филогенетический и статистический анализ

Гаплогруппы обозначены в соответствии с классификацией, разработанной консорциумом по Y хромосоме и обновлениями, опубликованными в работах Т. Карафет и соавт., П. Андерхилл и соавт. (Y chromosome consortium 2002; Karafet et al., 2008; Underhill et al., 2009). Оценка достоверности различий частот гаплогрупп Y хромосомы в популяциях проведена методом χ^2 . Медианные сети, отражающие филогению гаплогрупп, построены с помощью программы Network 4.510 (Fluxus-engineering 1999—2009) с использованием метода максимальной экономии, применяя алгоритм «объединения медиан» (Bandelt et al., 1999). Оценка возраста накопленной микросателлитной изменчивости гаплогрупп Y хромосомы проведена с использованием показателя изменчивос-

ти микросателлитов Y хромосомы 0,00069 на один локус за поколение, равное 25 годам (Zhitovtovsky et al., 2004).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Гаплогруппа *R1a1a7* (M458)

Определена частота гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в популяции современных белорусов — в среднем она составила 14,5%. Установлено, что значения частот гаплогруппы варьируют значительно в регионах Беларуси: частота *R1a1a7* (M458) на юге (регион Полесья) составляет 16,13%, а в Подвинье (север Беларуси) — 9,9%, обнаруживая, таким образом, тенденцию уменьшения частоты *R1a1a7* (M458) с юга на север Беларуси (табл. 3). Важно отметить, что в пределах белорусского Полесья не наблюдается равномерного распределения гаплогруппы *R1a1a7* (M458). Значительная часть носителей аллеля *M458G* сосредоточена в устье притоков р. Припяти — р. Уборть и р. Случь. Исток р. Случь, при этом, географически соседствует с истоком р. Неман (рис. 2). Вполне вероятно, что наблюдаемый характер распределения гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в регионе Полесья Беларуси обусловлен расселением людей в доисторическое время, ассоциированным с системой рек, и

Таблица 3

Значения частот гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в популяциях белорусов из шести регионов Беларуси

Регион	Выборка, п	M458G, п	Частота (в выборках), %	Частота, % по (Underhill et al., 2009)	Регион по (Underhill et al., 2009)
1. Поднепровье (восточный)	86	8	9,30	—	—
2. Западное Полесье	121	12	9,92	22,7	1. Западный регион (Брест)
3. Восточное Полесье	96	23	23,96	—	—
Полесье (суммарно)	217	35	16,13	—	—
4. Понеманье (западный)	73	13	17,81	—	—
5. Подвинье (северный)	101	10	9,90	13,0	2. Северо-восточный регион (Витебск)
6. Центральный	88	16	18,18	4,0	3. Центральный
Всего	565	82	14,51	—	—

Примечания: п — количество образцов; «—» — нет данных.

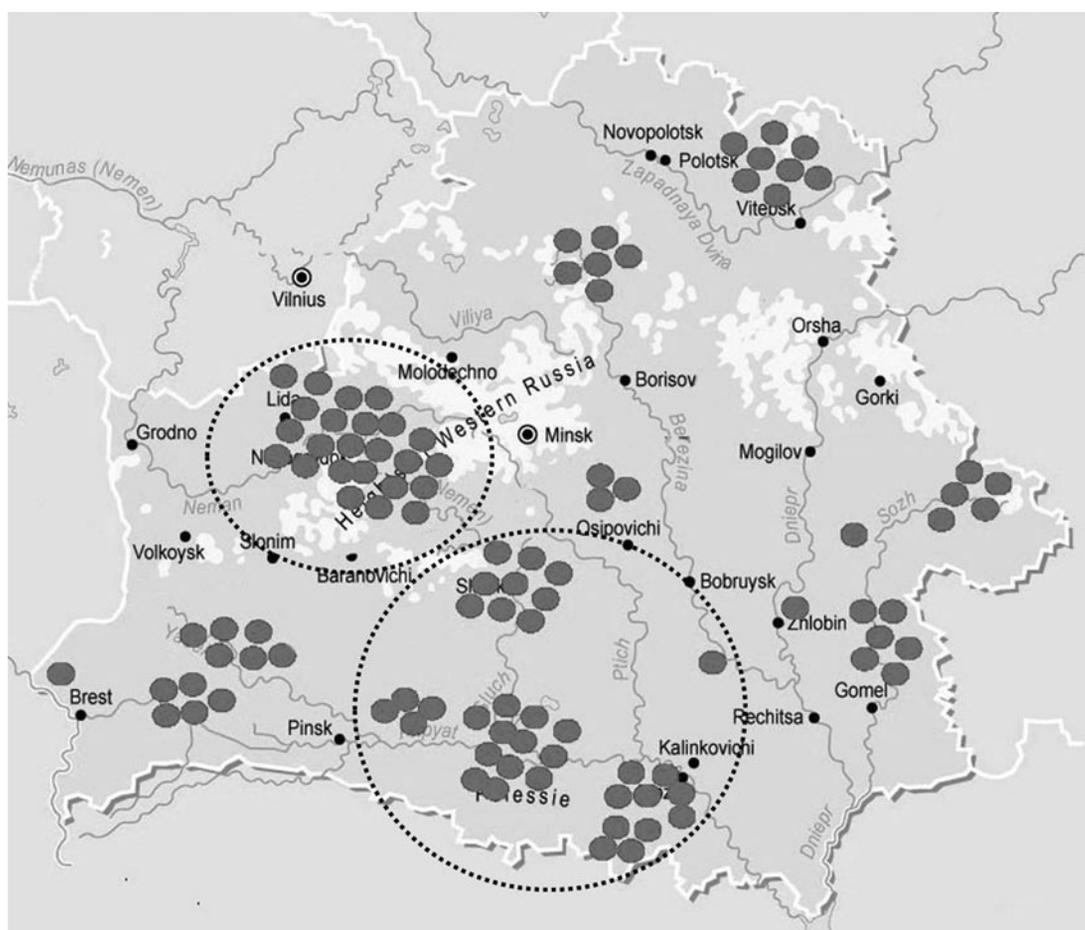


Рис. 2. Распределение носителей гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в географических регионах Беларуси.

Примечания: окружности соответствуют носителям гаплогруппы *R1a1a7* (M458); пунктиром выделены регионы концентрации *R1a1a7* (M458)

указывает на миграционный поток в направлении р. Неман — р. Случь — р. Припять.

Оценка статистической значимости различий частот гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в шести популяциях бело-

руссов позволила выявить достоверные различия между некоторыми из них при уровне *p* равным 0,05 (табл. 4). Достоверно отличаются значения частот *R1a1a7* (M458) популяции Восточного Полесья от популяций

Таблица 4

Оценка статистической значимости различий частот *R1a1a7* (*M458*) в популяциях белорусов

Регионы Беларуси	<i>R1a1a7</i> , <i>n</i>		Поднепровье (86)	Западное Полесье (121)	Восточное Полесье (96)	Полесье (суммарно) (217)	Понеманье (73)	Подвинья (101)	Центральный (88)	Всего (565)
	Частота, %		8	12	23	35	13	10	16	82
			9,30	9,92	23,96	16,13	17,81	9,90	18,18	14,51
Поднепровье (86)	8	9,30								
Западное Полесье (121)	12	9,92	0,888							
Восточное Полесье (96)	23	23,96	<u>0,016</u>	<u>0,011</u>						
Полесье (суммарно) (217)	35	16,13	0,155	–	–	–				
Понеманье (73)	13	17,81	0,141	0,138	0,391	0,760				
Подвинья (101)	10	9,90	0,895	0,997	<u>0,016</u>	0,169	0,157			
Центральный (88)	16	18,18	0,115	0,107	0,395	0,691	0,956	0,126		
Всего (565)	82	14,51	0,226	0,215	<u>0,032</u>	0,601	0,492	0,251	0,409	

Примечания: р-значения выделены полужирным; подчеркнуты р-значения, указывающие на статистическую значимость различий частот аллеля; *n* — объем выборки; выборка «Полесье» включает суммарные данные по Западному и Восточному Полесью

Поднепровья, Западного Полесья и Подвинья, а также от значения частоты, полученной для популяции белорусов в целом. Выявленные различия в распределении частот гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) могут быть следствием формирования выборки. Не исключено, что значительные различия в частотах аллеля *M458G* в Западном Полесье в нашем исследовании (9,3%) и в работе П. Андерхилла и соавторов (22,7%) обусловлены также отбором образцов в зонах древних миграционных путей (табл. 3). С другой стороны, достоверно высокая частота этой гаплогруппы в Восточном Полесье может указывать на эффект основателя или на некоторое доминирование «Припятского коридора» в миграциях людей, несущих производный аллель *G* маркера *M458* *Y* хромосомы. Для окончательного разрешения изложенной альтернативы необходимо расширение региональной географии исследования разнообразия *Y* хромосомы у этнических белорусов.

Особенности распространения носителей гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*)

Для того чтобы выяснить, существует ли связь между распространением гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) и географическими особенностями современной Беларуси, мы проанализировали распределение ее носителей во всех шести регионах республики. На рисунке 2 пред-

ставлена карта Беларуси, на которой отмечены географические пункты происхождения волонтеров, носителей гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*). Выявлены два региона, в которых концентрация носителей гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) выше по сравнению с остальной территорией — это 1) на юго-востоке Беларуси бассейн реки Припять, правого притока р. Днепр, а также 2) бассейн р. Неман на западе Беларуси. Возможно, реки Припять и Неман и их притоки в первую очередь служили путями для распространения носителей гаплогрупп *Y* хромосомы по территории Беларуси. Наблюдаемая картина распределения гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) не противоречит этому предположению.

Филогения гаплогрупп *R1a1a7* (*M458*) и *R1a1* (*SRY1532*)

Филогенетический анализ гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) белорусов проведен с использованием 14 микросателлитов (*DYS19*, *DYS389I*, *DYS389II*, *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393*, *DYS437*, *DYS438*, *DYS439*, *DYS448*, *DYS456*, *DYS458*, *H4*) (рис. 3а). В медианной сети гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) присутствует гаплотип, встречающийся у 8 индивидуумов, который можно рассматривать как доминантный. Основная доля образцов гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) представляет собой индивидуальные гаплотипы. Гаплотипы из различных геогра-

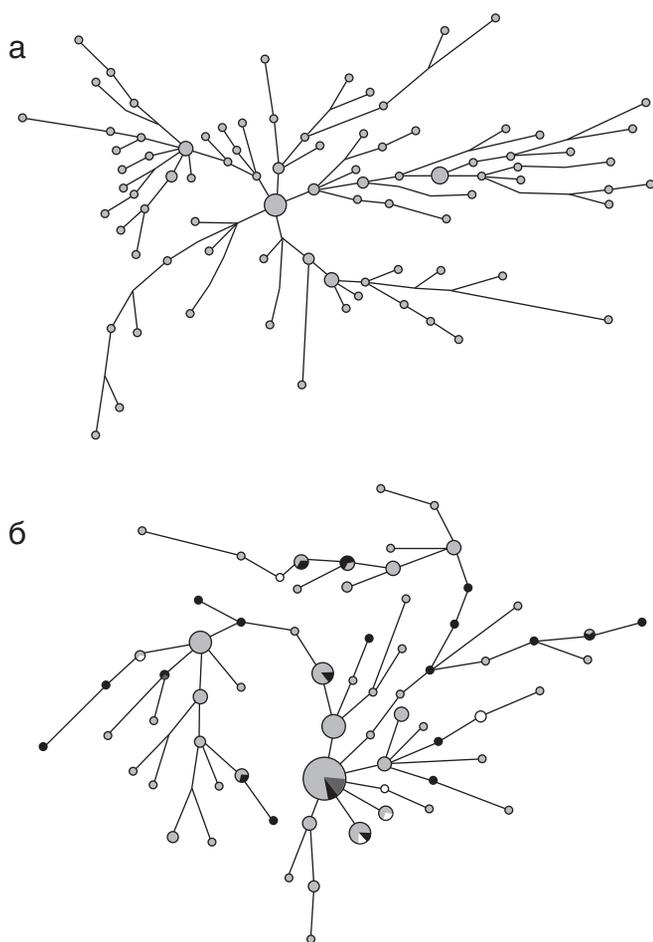


Рис. 3. Медианная сеть гаплотипов *R1a1a7* (*M458*): а) белорусов (согласно данным по разнообразию 14 микросателлитов); б) белорусов, украинцев, поляков и русских (согласно данным по разнообразию 8 микросателлитов). Примечания: размер окружности пропорционален количеству образцов, имеющих одинаковый гаплотип; цвет окружности соответствует популяциям: черный — поляки, белый — русские, темно-серый — украинцы, серый — белорусы

фических регионов Беларуси распределены случайным образом в филогенетической сети, не группируясь относительно их происхождения. Однородность распределения гаплотипов *R1a1a7* (*M458*) в популяции белорусов может указывать на то, что прародительская популяция уже несла производный аллель G маркера M458 в своем генофонде или на относительно высокую скорость распространения этого аллеля в популяциях Восточной Европы. Для того чтобы сопоставить профили гаплотипов гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) белорусов и соседних русских, украинцев и поляков, была построена медианная сеть, включающая данные по разнообразию восьми микросателлитов Y хромосомы (*DYS19*, *DYS389a*, *DYS389b*, *DYS390*, *DYS391*, *DYS392*, *DYS393* и *DYS439*), аллели которых установлены как для данной выборки белорусов, так и для соседних популяций (рис. 3б) (Underhill et

al., 2009). В целом проанализировано 150 гаплотипов. Установлено, что доминантный гаплотип имеют 27 индивидумов: 20 белорусов, 3 поляка и 4 украинца. Следует отметить, что основная часть образцов (17 из 27) включает гаплотипы поляков, украинцев, а также белорусов из южного и западного регионов. Этот факт свидетельствует в пользу распространения этого гаплотипа с южного и западного региона по отношению к современной территории Беларуси. Выявлено несколько одинаковых гаплотипов гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) для белорусов и русских, белорусов и поляков, что указывает на общность происхождения гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) в генофонде восточных и западных славян. Основная часть образцов, как и в случае анализа с использованием 14 микросателлитов, представлена индивидуальными гаплотипами.

Возраст накопленной микросателлитной изменчивости гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) у белорусов составил 10,5 тысяч лет при анализе четырнадцати микросателлитов. Дисперсия микросателлитов гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) в популяции белорусов составляет 0,25 (табл. 5). Поскольку в опубликованных данных расчет накопленной микросателлитной изменчивости гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) произведен с использованием иного набора микросателлитов, то сравнивать полученные данные не совсем корректно (Underhill et al., 2009). Тем не менее, отметим, что близкие значения дисперсии *R1a1a7* (*M458*) у белорусов и поляков наряду с одинаковыми значениями накопленной микросателлитной изменчивости указывали бы на то, что прародина *R1a1a7* (*M458*) могла находиться на стыке территорий современной Польши и Беларуси.

Поскольку гаплогруппа *R1a1a7* (*M458*) является «дочерней» ветвью гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*), то для сравнительного анализа их филогении в популяции белорусов была построена объединенная медианная сеть гаплотипов *R1a1* (*SRY1532*) (рис. 4). Из рисунка видно, что большая часть образцов, принадлежащих к гаплогруппе *R1a1a7* (*M458*), формирует отдельную ветвь, в то же время имеется пул гаплотипов *R1a1a7* (*M458*), которые являются структурными элементами общей медианной сети гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*). Это указывает на высокое сходство гаплотипов, принадлежащих к двум гаплогруппам, а также на то, что на основании профиля исключительно микросателлитных локусов, невозможно дифференцировать дочернюю гаплогруппу *R1a1a7* (*M458*) от гаплогруппы *R1a1* (*SRY1532*).

Гаплогруппа *R1a1a7* (*M458*) и периоды раннего расселения людей на территории современной Беларуси

Возраст гаплогруппы *R1a1a7* (*M458*) у белорусов составляет около 10 тысяч лет согласно оценке накопленной микросателлитной изменчивости, т. е. приблизительно 8–6 тысяч лет до нашей эры. Этот период

Таблица 5

Возраст накопленной микросателлитной изменчивости *R1a1a7 (M458)* в некоторых популяциях Восточной Европы

Популяция (n)	Микросателлитные локусы Y-хромосомы, на основании которых подсчитан возраст гаплогруппы*	Возраст	CO	Дисперсия	Источник
Белорусы (105)	19, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 437, 438, 439, 448, 456, 458, H4	10,5	2,7	0,25	(данное исследование)
Украинцы (7)	19, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 439, A7.2	4,7	1,8	—	(Underhill et al., 2009)
Русские (12)	19, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 439, A7.2	8,0	2,9	—	(Underhill et al., 2009)
Поляки (27)	19, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 439, A7.2	10,7	4,1	—	(Underhill et al., 2009)
Эстонцы (11)	19, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 439, A7.2	6,3	3,5	—	(Underhill et al., 2009)

Примечания: * — сокращение DYS при обозначении микросателлитов опущено с целью экономии места; CO — стандартное отклонение; «—» — нет данных; n — объем выборки.

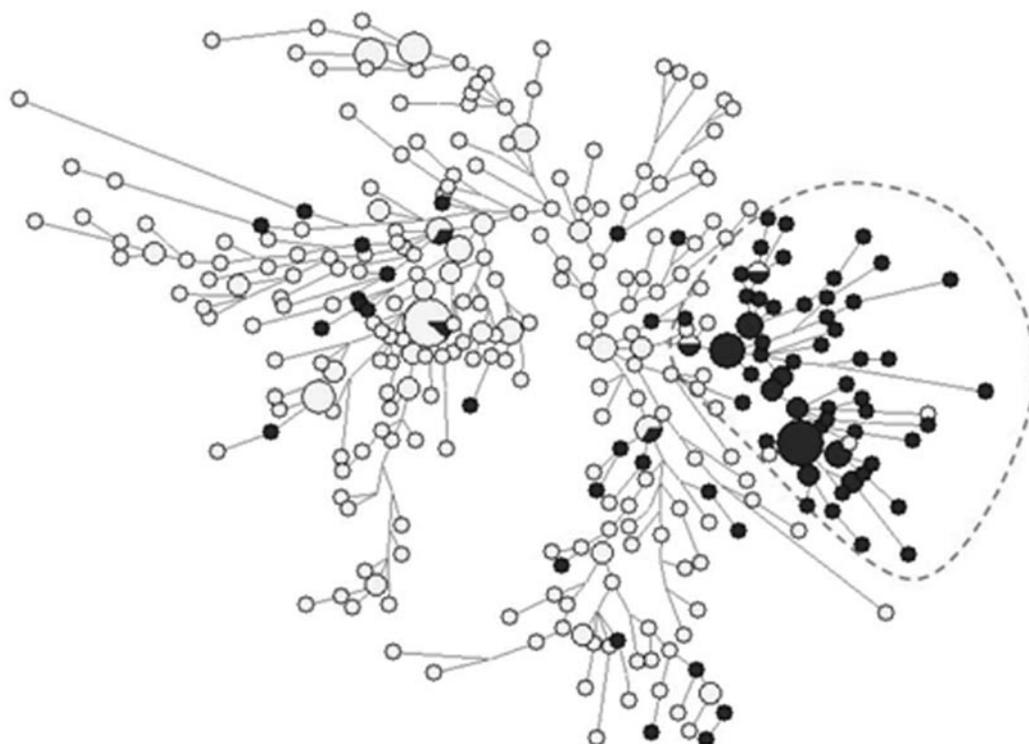


Рис. 4. Медианная сеть гаплотипов *R1a1 (SRY1532)*, построенная по данным по разнообразию 14 микросателлитов Y хромосомы в популяции белорусов и включающая гаплотипы *R1a1a7 (M458)*.

Примечания: размер окружности пропорционален количеству образцов, имеющих одинаковый гаплотип; темным цветом обозначены гаплотипы, принадлежащие к гаплогруппе *R1a1a7 (M458)*; штриховой линией отмечена ветвь *R1a1a7 (M458)*

совпадает с завершением эпохи Мезолита и началом Неолита на территории Беларуси. Можно предположить, что экспансия гаплогруппы *R1a1a7 (M458)* на территории Беларуси происходила одновременно или незадолго до развития здесь земледелия. В частности, данные палинологии свидетельствуют о том, что первые признаки раннего земледелия зарегистрированы на юго-западе Беларуси более 8 тыс. лет назад, и, по всей вероятности, появление его связано с распространением носителей линейно-ленточной керамики

(Zernitskaya et al., 2008). Вероятно, что миграциями этого периода мог быть сформирован пул гаплотипов *R1a1a7 (M458)* в общей популяции белорусов. Снижение доли гаплогруппы *R1a1a7 (M458)* в общей доле *R1a1a (M17)* белорусов, русских, украинцев, популяциях прибалтийского региона до 10–15 % по отношению к таковой у поляков в свою очередь указывает на то, что производный аллель *G* маркера *M458* Y хромосомы распространялся с более поздней волной миграции, по отношению к той, которая сформировала до-

минирование гаплогруппы *R1a1a* (M17) на обширной территории Центральной и Восточной Европы.

Миграционные процессы более позднего периода могли усилить региональные различия по изучаемому молекулярному маркеру в популяции современных белорусов. В частности, достоверно высокая частота гаплогруппы *R1a1a7* (M458) в Понеманье и в Восточном Полесье Беларуси может отражать перемещения племенных сообществ с близкими местному населению генетическими характеристиками в бассейн р. Неман и р. Припять. Такими сообществами являлись полабские славяне, покинувшие территорию между реками Эльба и Одер в конце I — начале II тысячелетий под воздействием экспансии германских племен. На общность полабских славян и населения современной Беларуси указывают топонимические параллели, а также ранее полученные результаты исследований языковедческих и археологических наук (Jezowa M., 1962; Седов В. В., 1982; Перхавко В. Б., 1983).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Установлено, что частота гаплогруппы *R1a1a7* (M458) у этнических белорусов в среднем составляет 14,5%. Показана неоднородность генофонда белорусов по распределению частот аллеля *M458G* в географических регионах. Наиболее вероятно, что первоначальное распространение *R1a1a7* (M458) на территорию современной Беларуси могло быть связано с распространением земледелия. Более высокая концентрация носителей *R1a1a7* (M458) в бассейнах р. Припять и р. Неман — на юге и западе Беларуси указывает на то, что носители аллеля *M458G* проникали на территорию Беларуси с юго-запада. Наблюдаемый в настоящее время характер распределения гаплотипов *R1a1a7* (M458) в регионах Беларуси может быть следствием таких причин как:

- присутствие производного аллеля *M458G* в прародительской популяции, что обуславливает наблюдаемую однородность распределения гаплотипов в регионах Беларуси;
- существование более позднего миграционного потока в бассейн р. Неман и р. Припять племенных сообществ, например, полабских славян.

Работа выполнена при финансовой поддержке БРФФИ, грант № Б08Р-146 от 1.04.2008 г.

Литература

1. Зайковский Э. М., Исаенко У. Ф., Колечиц А. Г. и др., 1997. Археология Беларуси: в 4-х томах: Т. 1: Каменный и бронзовый век // под ред. Чернявского М. М., Колечиц А. Г. Минск: Беларусь. Наука. 424 с.

2. Перхавко В. Б., 1983. Западнославянское влияние на раннесредневековую культуру Белоруссии // Древнерусское государство и славяне. Мн. С. 26.

3. Седов В. В., 1982. Восточные славяне в VI—XIII вв. // Археология СССР. М.: Наука. 328 с.

4. Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A. et al., 2008. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // Am. J. Hum. Genet. Vol. 82. N 1. P. 236–250.

5. Bandelt H. J., Forster P., Röhl A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. Vol. 16. N 1. P. 37–48.

6. Battaglia V., Fornarino S., Al-Zahery N. et al., 2009. Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in Southeast Europe // Eur. J. Hum. Genet. Vol. 17. N 6. P. 820–830.

7. Butler J. M., Schoske R., Vallone P. M. et al., 2002. A novel multiplex for simultaneous amplification of 20 Y chromosome STR markers // Forensic Sci. Int. Vol. 129. P. 10–24.

8. International Society of Genetic Genealogy, 2010. Y-DNA Haplogroup Tree 2010, Version: 5. 17, Date: 12 May 2010, <http://www.isogg.org/tree/index.html> (дата обращения 30. 06. 2010).

9. Jezowa M., 1962. Dawne slowianskie dialekty Mieklemburgii w swietle nazw miejscowych i osobowych. Cz. II. Slowotworstwo // Prace jezykoznawcze. T. 32. Wr., W-wa, Kr., P. 13.

10. Karafet T. M., Mendez F. L., Meilerman M. B. et al., 2008. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup // Genome Res. Vol. 18. N 5. P. 830–838.

11. Kayser M., Lao O., Anslinger K. et al., 2005. Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis // Hum. Genet. Vol. 117. N 5. P. 428–443.

12. Kharkov V. N., Stepanov V. A., Borinskaya S. A. et al., 2004. Gene Pool Structure of Eastern Ukrainians as Inferred from the Y-Chromosome Haplogroups (in russian) // Genetika. Vol. 40. N 3. P. 326–331.

13. Khar'kov V. N., Stepanov V. A., Feshchenko S. P., et al., 2005. Frequencies of Y chromosome binary haplogroups in Belarussians (in russian) // Genetika. Vol. 41. N 8. P. 1132–1136.

14. Kushniarevich A. I., Sivitskaya L. N., Danilenko N. G. et al., 2007. Y-chromosome gene pool of Belarusians — clues from biallelic markers study // Докл. НАН Беларуси. Том. 51, № 5. С. 100–105.

15. Lappalainen T., Laitinen V., Salmela E. et al., 2008. Migration waves to the Baltic Sea region // Ann. Hum. Genet. Vol. 72. N 3. P. 337–348.

16. Semino O., Passarino G., Oefner P. J. et al., 2000. The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective // Science. Vol. 290. N 5494. P. 1155–1159.

- 17 *Sengupta S., Zhivotovsky L. A., King R. et al.*, 2006. Polarity and temporality of high-resolution y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian pastoralists // *Am. J. Hum. Genet.* Vol. 78. N 2. P.202–221.
- 18 *Sharma S. Rai E., Sharma P. et al.*, 2009. The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system // *J. Hum. Genet.* Vol. 54. N 1. P.47–55.
- 19 *Underhill P. A., Myres N. M., Rootsi S. et al.*, 2010. Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a // *Eur. J. Hum. Genet.* Vol. 18. N 4. P.479–484.
- 20 *Whitfield L. S., Sulston J. E. and Goodfellow P. N.*, 1995. Sequence variation of the human Y chromosome // *Nature.* Vol. 378. N 6555. P.379–380.
- 21 Y Chromosome Consortium, 2002. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups // *Genome Res.* Vol. 12. N 2. P.339–348.
- 22 *Zernitskaya V., Mikhailov N.*, 2009. Evidence of early farming in the Holocene pollen spectra of Belarus // *Quaternary International: Humans and Environment in Pleistocene and Holocene, Evolution of Waterways and early Settlement of Northern Europe.* Vol.203. N1–2. P.91–104.
- 23 *Zhivotovsky L. A., Underhill P. A., Cinnioglu C. et al.*, 2004. The effective mutation rate at Y-chromosome STRs with application to human population divergence time // *Am. J. Hum. Genet.* Vol. 74. N 1. P. 50–61.

Y CHROMOSOME HAPLOGROUP R1A1A7 (M458) OF MODERN BELARUSIANS AND MIGRATIONS OF SLAV'S PREDECESSORS ON BELARUS TERRITORY

Kushniarevich A. I., Sivitskaya L. N., Bogacheva A. V., Kotova S. A., Tsybovski I. S., Davydenko O. G.

✿ **SUMMARY:** Investigation of Y chromosome haplogroup *R1a1a7 (M458)* in ethnic Belarusians from six historic and ethnographic regions has shown that its frequency makes up 14% out of total Y chromosome gene pool diversity. Bearers of *R1a1a7 (M458)* are concentrated in Pripiat and Neman river basins which is in south and west of Belarus respectively. Expansion of *R1a1a7 (M458)* on the territory of present day Belarus was most probable associated with the distribution of agriculture in Eastern Europe. In addition, obtained data point to presence of later migration wave, Polab Slavs, for example, from Elba and Oder interfluves in Neman river basin at the border of I–II Millennia.

✿ **KEY WORDS:** Belarusians; Slavs; Y chromosome; haplogroup; haplotype.

✿ Информация об авторах

Кушнеревич Елена Ивановна — к. б. н., научный сотрудник. ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Беларусь. E-mail: cytoplasmic@mail.ru.

Сивицкая Лариса Николаевна — к. б. н., научный сотрудник. ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Беларусь. E-mail: cytoplasmic@mail.ru

Богачева Анна Владимировна — судебный эксперт. ГУ «Центр судебных экспертиз и криминалистики Министерства юстиции Республики Беларусь». ул. Кальварийская, 43, г. Минск, Беларусь 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Котова Светлана Александровна — к. х. м., начальник управления молекулярно-биологических исследований. ГУ «Центр судебных экспертиз и криминалистики Министерства юстиции Республики Беларусь». ул. Кальварийская, 43, г. Минск, Беларусь 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Цыбовский Иосиф Станиславович — к. б. м., первый заместитель директора Центра. ГУ «Центр судебных экспертиз и криминалистики Министерства юстиции Республики Беларусь». ул. Кальварийская, 43, г. Минск, Беларусь 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Давыденко Олег Георгиевич — заведующий лабораторией нехромосомной наследственности, профессор, член-корр. НАН Беларуси. ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси». Ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Беларусь. E-mail: cytoplasmic@mail.ru.

Kushniarevich Alena Ivanovna — PhD, research scientist. Cytology of National Academy of Sciences of Belarus. Akademicheskaya str. 27, Minsk, 220072, Belarus. E-mail: cytoplasmic@mail.ru.

Sivitskaya Larysa Nikolaevna — PhD, research scientist. Cytology of National Academy of Sciences of Belarus. Akademicheskaya str. 27, Minsk, 220072, Belarus. E-mail: cytoplasmic@mail.ru.

Bogacheva Anna Vladimirovna — forensic expert. Centre of Forensic Expertise and Criminalistics. Kalvarijskaya str. 43, Minsk, Belarus 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Kotova Svetlana Aleksandrovna — chief of the Molecular biology department, PhD. Centre of Forensic Expertise and Criminalistics. Kalvarijskaya str. 43, Minsk, Belarus 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Tsybovsky Iosif Stanislavovich — deputy director of the Center, PhD. Centre of Forensic Expertise and Criminalistics. Kalvarijskaya str. 43, Minsk, Belarus 220073. E-mail: expertiza@telegraf.by.

Davydenko Oleg Georgievich — head of the laboratory of Extrachromosomal Inheritance, professor, associated member of National Academy of Sciences of Belarus. Cytology of National Academy of Sciences of Belarus. Akademicheskaya str. 27, Minsk, 220072, Belarus. E-mail: cytoplasmic@mail.ru.