

УДК 575.174:599

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ГЕНЕТИКА О ПРОИСХОЖДЕНИИ И ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ СЛАВЯН

Б. А. Малярчук, М. В. Деренко

Институт биологических проблем Севера ДВО РАН, г. Магадан

E-mail: malyar@ibpn.kolyma.ru

На основании собственных и литературных данных о распределении маркеров митохондриальной ДНК (мтДНК) и Y-хромосомы в популяциях славян установлена общность происхождения западных, восточных и южных славян. Исследования полиморфизма мтДНК и Y-хромосомы в популяциях русского населения европейской части России показали, что русские популяции в значительно большей степени дифференцированы по отцовским линиям, чем по материнским (значения F_{ST} составили соответственно 3,1 и 0,42%). Показано, что русские популяции дифференцируются на три зоны по степени выраженности центральноевропейского генетического компонента, представленного как линиями мтДНК, так и Y-хромосомы. Предполагается, что генетические различия между современными русскими популяциями вызваны различным участием славянских мужчин и женщин в процессе заселения ими Восточной Европы начиная с эпохи раннего средневековья.

Ключевые слова: митохондриальная ДНК, Y-хромосома, славяне, молекулярная филогеография, этногенез.

Последние десятилетия отмечены бурным прогрессом в исследованиях высокополиморфных генетических систем, наследуемых по одной из родительских линий – митохондриальной ДНК (мтДНК), наследуемой по материнской линии, и нерекombинирующих участков Y-хромосомы, наследуемой по отцовской линии. Комплексное использование этих генетических систем показало высокую информативность такого подхода для характеристики генетической структуры популяций человека, а также предоставило исследователям дополнительную (и очень существенную для этногенетических исследований) информацию об истории формирования генофондов с учетом вклада мужских и женских линий ДНК (Renfrew, 2000). Популяционные исследования изменчивости мтДНК и Y-хромосомы сразу же стали развиваться в русле филогеографического подхода, позволяющего с помощью методов филогенетического анализа классифицировать монофилетические кластеры ДНК (группы и подгруппы ДНК) и оценивать степень и время дивергенции последовательностей ДНК внутри кластеров (Richards et al., 1998). Для реконструкции процессов формирования генофондов популяций, этнических групп и этнорасовых общностей и их простран-

ственной дифференциации необходимы большие массивы данных об изменчивости ДНК в различных популяциях. Поэтому филогеографические исследования должны охватывать как можно большее количество популяций и базироваться на представительных наборах генетических маркеров. Так, к настоящему времени нами охарактеризованы митохондриальные генофонды около 30 этнических групп Северной Евразии, а созданная база данных об изменчивости мтДНК основывается на результатах анализа более 3000 индивидуумов различного этнорасового происхождения.

К числу наиболее интересных проблем этнической истории Европы относится проблема происхождения и дифференциации славян. Согласно антропологическим и археологическим данным, прародиной славянских народов являются территории Центральной Европы (Алексеева, 1973; Седов, 1979). Расселение же славян на обширных пространствах Европы наиболее интенсивно происходило в VI–VII вв. нашей эры и сопровождалось генетическим взаимодействием с народами, населявшими территории миграционных путей славян: на западе с германцами, на юге с фракийцами, кельтами и иллирийцами, на севере с балтами, на востоке с иранцами и финно-уграми (Алексеева, Алексеев, 1989). Согласно антропологическим данным,

славянская общность сложилась в результате длительного периода контактов представителей северной и южной ветвей европеоидов (Алексеева, 1973). Поэтому к моменту переселения славян в Восточную Европу соотношение исходных компонентов в их группах могло быть различным, а по мере освоения восточноевропейских территорий в различных направлениях все более проявлялся полиморфизм, обусловленный взаимодействием с местным населением. Так, по комплексу расово-диагностических признаков белорусы и русские тяготеют к северо-западным группам (финно-угорское и летто-литовское влияние), а украинцы – к южным (иранское и романское влияние) (Алексеева, 1973). Образование государственности на Руси, очевидно, в большой степени способствовало гомогенизации населения в связи с интенсификацией межэтнических взаимодействий в пределах европеоидной расы и стиранием генетических границ между этносами, а также метисацией с монголоидным населением в процессе освоения новых земель на востоке Евразии. Таким образом, этногенез славян представляет собой одну из сложнейших проблем этнической истории Европы.

В связи с этой проблемой нами охарактеризована структура митохондриальных генофондов популяций, относящихся ко всем трем основным группам славян – восточным, западным и южным. Восточные славяне представлены в данном исследовании русскими, западные славяне – поляками, южные славяне – боснийцами и словенцами. Изменчивость мтДНК в популяциях изучали с помощью комбинированного анализа, т. е. анализа рестрикционного полиморфизма участков кодирующих районов и изменчивости нуклеотидных последовательностей некодирующих гипервариабельных участков мтДНК. Для получения данных об изменчивости мтДНК нами использовались стандартные методы выделения и очистки ДНК, полимеразной цепной реакции и рестрикционного анализа амплифицированных участков ДНК. Определение нуклеотидных последовательностей участков мтДНК и скрининг числа повторов микросателлитных локусов Y-хромосомы проводились с помощью автоматического секвенатора ABI 377 (PE Applied Biosystems).

Исследование показало, что митохондриальный генофонд русского населения характеризуется высоким разнообразием (рис. 1). Наиболее представленными у русских являются кластеры H, U, T, J. Монголоидная примесь у русских невелика (~1,5%) и представлена различными группами мтДНК – C, D, M*, G2a, N9a. Анализ изменчивости мтДНК у поляков показал, что они также характеризуются высоким разнообразием линий мтДНК, типично европейской

композицией групп и подгрупп мтДНК и низкой частотой монголоидных линий, которые представлены группами C, D, M*, E, G2a. Анализ изменчивости мтДНК у южных славян проводился у боснийцев, имеющих сербохорватское происхождение, и словенцев, сформировавшихся в прошлом в результате взаимодействия пришлых славянских и коренных иллирийских племен Балканского полуострова (Брук, 1986). Анализ показал, что их генофонд также представлен европейской комбинацией митохондриальных групп, хотя у них в большей степени проявляются черты южноевропейских популяций. Об этом свидетельствует, например, несколько повышенная частота подгруппы U1 и группы pre-NV (до 2%). С другой стороны, у южных славян обнаружена повышенная частота подгруппы U4 (до 6%), что сближает их с популяциями Восточной Европы. Важно также, что у боснийцев обнаружена небольшая монголоидная примесь в виде группы Z, которая характерна и для восточноевропейских популяций. В целом же в структурном отношении митохондриальные генофонды исследованных групп славян очень сходны по композиции групп и подгрупп мтДНК (см. таблицу). Как видно, три группы славян характеризуются сходным распределением частот континентальных групп мтДНК – даже по частоте африканских линий.

Распространенность континентальных гаплогрупп мтДНК в генофондах славян, %

Distribution of continental mtDNA haplogroups in the Slavic gene pools, %

Группы славян	Континентальные гаплогруппы мтДНК		
	Европа	Азия	Африка
Восточные славяне (русские)	98,2	1,5	0,3
Западные славяне (поляки)	98,0	1,8	0,2
Южные славяне (боснийцы и словенцы)	98,4	1,2	0,4

Результаты проведенного нами филогеографического анализа распределения гаплотипов мтДНК в европейских популяциях (у русских, поляков, боснийцев, словенцев, финнов, французов, немцев, австрийцев) показали, что митохондриальные генофонды европейцев характеризуются выраженным генетическим сходством, а маркеры этнических групп и их общностей представлены, как правило, комбинациями редких подгрупп и отдельных гаплотипов мтДНК (Малярчук, 2001; Malyarchuk et al., 2002a, 2003). Это исследование показало существование единого генетического субстрата, на котором развивались генофонды западных и восточных славян, а также их соседей – герман-

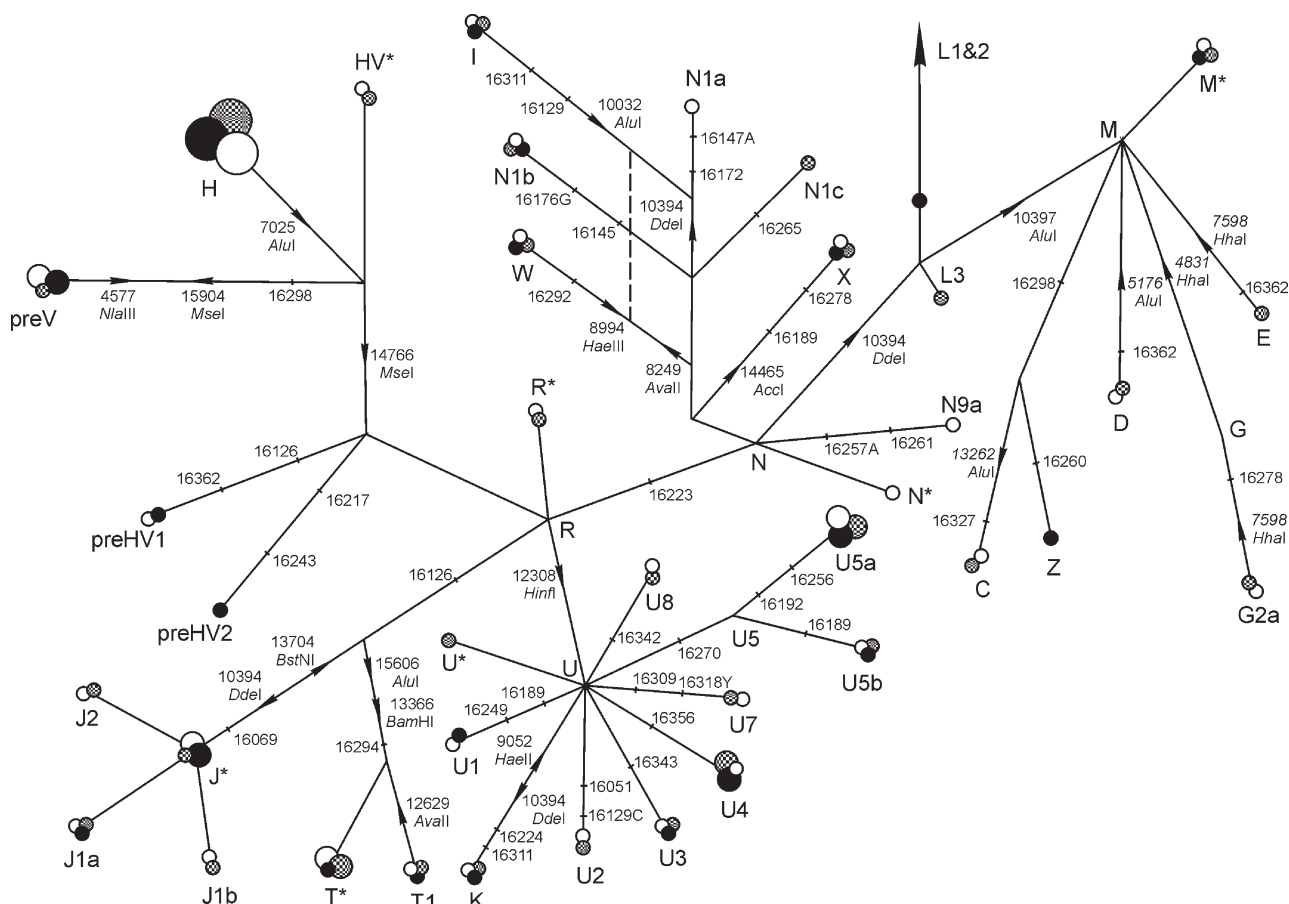


Рис. 1. Структура митохондриальных генофондов русских, поляков и боснийцев. В медианной сети показано филогенетическое положение основных групп и подгрупп мтДНК по данным об изменчивости нуклеотидных последовательностей ГВС1 и о ПДРФ кодирующих районов мтДНК. Обозначения (кружок): белый – русские, гашура – поляки, черный – боснийцы. Стрелки на ветвях медианной сети показывают направления появления рестрикционных сайтов. Номера нуклеотидных позиций показывают транзиции в ГВС1, тип трансверсий указан дополнительно. Размер кружков пропорционален частоте гаплотипа мтДНК

Fig. 1. Structure of mitochondrial gene pools of the Russians, Poles and Bosnians. Phylogenetic positions of the main mtDNA haplogroups and their subgroups are shown in the median network based on HVS1 nucleotide sequences variation data and coding region RFLP data. Populations are designated (by colour in the circles): in white – for the Russians, in grey – for the Poles, in black – for the Bosnians. Directions of the RFLP site gains are indicated by arrows. Numbering of nucleotide positions corresponds to HVS1 transitions, transversion types are shown additionally. Circles sizes are proportional to the mtDNA haplotype frequencies

цев, финнов. Этот субстрат в виде отдельных митохондриальных линий проник и на юг Европы, на Балканы (по-видимому, в основном в процессе славянских миграций), о чем можно судить по тому факту, что южнославянские популяции генетически отличаются от их соседей – греков, албанцев и итальянцев (рис. 2). Из славянских популяций лишь болгары занимают несколько обособленное положение, сближаясь генетически с неславянскими балканскими народами. Основываясь на данных об изменчивости мтДНК, мы изучили проблему дифференциации восточных, западных и южных славян по отношению друг к другу и к соседним популяциям Европы и Западной Азии (Маларчук, 2001). Результаты этого анализа позволили заключить, что славяне характеризуются единством происхождения, центральное положение среди них

занимают западные славяне, а степень генетических различий между группами славян определяется в значительной мере степенью метисации с дославянским населением современного этнического ареала славян, а также интенсивностью их взаимодействия с соседними народами. Последний вывод следует из того факта, что соседи русских – западнофинские популяции, характеризуются относительно высоким генетическим сходством с русскими, германские популяции – с западными славянами, а балканские – с южными славянами (Маларчук, 2001).

Другой генетической системой, изменчивость которой активно изучается в филогеографических исследованиях, является нерекombинирующая часть Y-хромосомы, которая наследуется по отцовской линии. Данные об изменчивости Y-хромосомы позволяют получить представле-

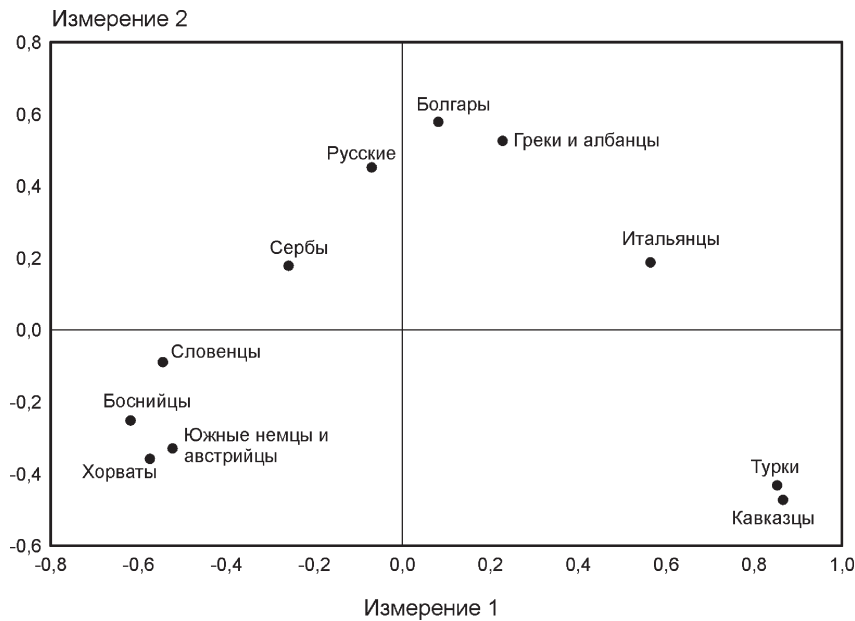


Рис. 2. Расположение некоторых европейских популяций в двухмерном пространстве по данным анализа многомерного шкалирования попарных межпопуляционных F_{ST} -дистанций. Анализ основан на распределении групп гаплотипов мтДНК в популяциях

Fig. 2. Location of some European populations in two-dimensional space based on multidimensional scaling analysis of pairwise F_{ST} -distances. Analysis is based on the distribution of mtDNA haplogroups in populations

ния о распространенности в популяциях тех или иных маркеров, информативных в плане изучения генетической истории этнорасовых групп человека (Jobling, Tyler-Smith, 2003). Применительно к генетической истории славян анализ разнообразия Y-хромосомы также показал, что славянские народы характеризуются сходным набором маркеров и, что важно, дифференцируются в большей степени, чем по линиям мтДНК, от их соседей – германцев на западе Европы; греков, албанцев и итальянцев на юге; финно-угорского населения на востоке Европы (Rosser et al., 2000; Malyarchuk et al., 2002b, 2004). Для исследования разнообразия линий Y-хромосомы в русских популяциях нами проведен анализ изменчивости 12 биаллельных локусов (RPS4Y, SRY-8299, M89, 12f2, M9, M20, 92R7, SRY-1532, DYS199, Tat, LLY22g, DYS287), варианты полиморфизма которых определяют топологию филогенетического дерева Y-хромосомы. Всего нами исследовано около 400 индивидуальных препаратов ДНК из девяти популяций русского населения (рис. 3). Анализ показал, что в генофонде русских распространены 10 групп Y-хромосомы, характеризующихся гетерогенным распределением в популяциях.

Интервалы частот гаплогрупп Y-хромосомы у русских, %

Гаплогруппы Y-хромосомы	Частота гаплогрупп
P*	2,5–19,0
R1a	35,0–61,0
N*	0–2,0
N3	4,8–35,0
BR*	0–1,0
F*	4,4–29,5
K*	0–14,0
E*	0–8,6
J	0–13,6
C	0–2,3

Наиболее интересны группы R1a и N3, поскольку в Европе группа R1a является маркером славянских популяций. Например, на границах между польскими и немецкими популяциями или сербскими и немецкими популяциями наблюдается резкое снижение частоты R1a у немцев (Rosser et al., 2000; Behar et al., 2003). Группа N3 интересна тем, что она распространена с наиболее высокими частотами (более 50%) у финно-угорского и балтского населения Северной и Восточной Европы и практически отсутствует на западе и юге Европы, включая славянское население этих регионов (Rosser et al., 2000). У русских частота группы N3 варьирует в широком диапазоне, что свидетельствует о различной степени взаимодействия славянского и финно-угорского/балтского населения в различных частях восточноевропейского ареала русских. Лишь некоторые популяции северной части ареала русских (псковская и поморская) показывают частоты гаплогруппы N3, сопоставимые с таковыми в популяциях финно-угров и балтов. Отметим, что более тонкие исследования полиморфизма Y-хромосомы, проведенные с помощью анализа эволюционирующих с более высокой скоростью STR-локусов, позволили разделить N3-Y-хромосомы на две группы – «балтскую» и «финно-угорскую», распространенные преимущественно в генофондах соответственно балтов и финно-угров (Zerjal et al., 2001). Проведенный нами анализ полиморфизма восьми STR-локусов Y-хромосомы (DYS19, 385, 389I, 389II, 390, 391, 392 и 393) показал, что высокая частота гаплогруппы N3 в псковской популяции обусловлена преимущественно присутствием «балтских» вариантов Y-хромосомы (их доля 64%), хотя в генофондах русского населения центральных и южных областей европейской части России преобладают (в среднем до

80%) N3-Y-хромосомы, характерные для финно-угорского населения Восточной Европы.

Наиболее информативным является комбинированный анализ изменчивости мтДНК и Y-хромосомы, который позволяет получить представление о том, как распространялись материнские и отцовские линии в процессе экспансии популяций. Хорошим примером в этом отношении является русское население, освоившее за последние почти 1,5 тыс. лет обширные пространства Евразии. Основываясь на результатах исследований изменчивости мтДНК и Y-хромосомы в различных популяциях русского населения Восточной Европы (от Ставропольского края на юге до Псковской области на севере и от Орловской области на западе до Нижегородской на востоке; см. рис. 3), мы получили первые данные о структуре и разнообразии популяционных генофондов русских. Этим исследованием мы охватили 10 русских популяций (см. рис. 3). На карте отмечены также поморская, костромская, ростовская и курская популяции, исследованные другими коллективами. Результаты комбинированного анализа разнообразия мтДНК и Y-хромосомы показали, что русское население в значительно большей степени дифференцировано по отцовским линиям, чем по материнским – коэффициенты дифференциации F_{ST} для мтДНК и Y-хромосомы различаются почти на порядок (значения F_{ST} составили соответственно 0,42 и 3,1%). Причем если степень дифференциации митохондриальных линий в европейских популяциях (включая русские) не отличается от дифференциации в русских популяциях (соответственно 0,41 и 0,42%), то дифференциация линий Y-хромосомы у русских существенно ниже, чем в Европе в целом (соответственно 3,1 и 7,04%).

Дифференциация материнских линий у русского населения не очень высока, однако статистический анализ позволил установить, что в Восточной Европе русские популяции дифференцируются на две зоны – юго-западную и северо-восточную (рис. 4). Причем русские юго-западной зоны кластеризуются с популяциями Центральной Европы – как с западнославянскими, так и с балтскими и некоторыми финно-угорскими (например, с поляками, литовцами, эстонцами); русские северо-восточной зоны кластеризуются с финно-угорскими и другими народами Восточной Европы (финнами, карелами, марийцами, татарами, адыгейцами).

Результаты анализа F_{ST} -дистанций, полученных на основании данных о полиморфизме бинарных локусов Y-хромосомы, также свидетельствуют о гетерогенности русских популяций, но картины дифференциации популяций по мтДНК и Y-хромосоме не совпадают (рис. 5). В сравнительном анализе нами были использованы



Рис. 3. Географическое расположение исследованных популяций русского населения. На карте отмечены также выборки, изученные в других исследованиях полиморфизма мтДНК (Костромская и Курская области (Orekhov et al., 1999) и Ростовская область (Richards et al., 2000)) и Y-хромосомы (поморы Архангельской области (Wells et al., 2001))

Fig. 3. Geographic locations of Russian samples used in this study. Locations of the previously studied samples are also indicated on the map: Kostroma and Kursk areas (Orekhov et al., 1999) and Rostov area (Richards et al., 2000) for mtDNA variation, and the Pomors of Arkhangelsk area (Wells et al., 2001) for Y-chromosome variation

ны данные об изменчивости Y-хромосомы в соседних по отношению к русским этнических группах: украинцев, белорусов, литовцев, латышей, эстонцев, финнов, марийцев, чувашей

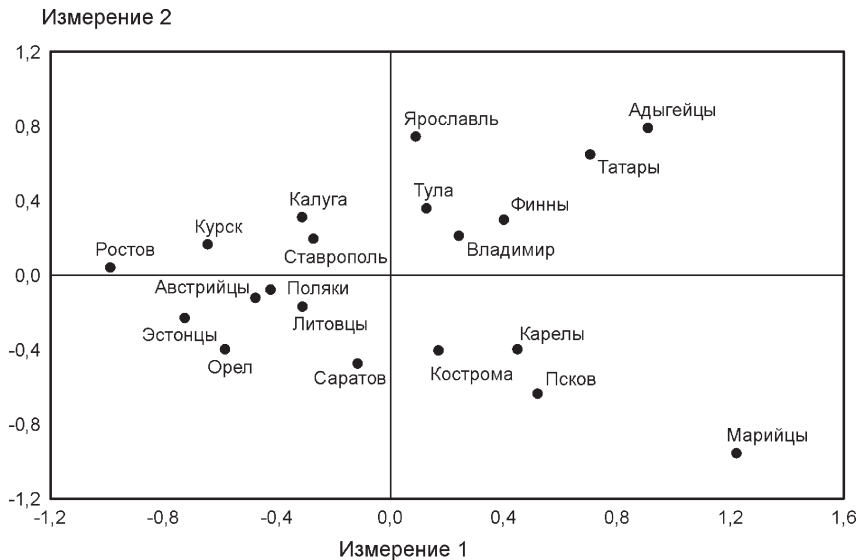


Рис. 4. Многомерное шкалирование F_{ST} -дистанций между европейскими популяциями по данным об изменчивости ГВС1 мтДНК. Русские популяции обозначены по названию областных центров. Для анализа использованы также данные, опубликованные в других работах: поляки (Malyarchuk et al., 2002a), австрийцы (Parson et al., 1998), литовцы (Kasperaviciute, Kucinskas, 2002), эстонцы, финны и карелы (Sajantila et al., 1995), татары и марийцы (Орехов, 2002), адыгейцы (Macaulay et al., 1999)

Fig. 4. Multidimensional scaling of F_{ST} -distances between European populations based on mtDNA HVS1 variability data. Russian populations are designated in accordance with the names of regional (Oblast') centers. The data published in another studies were used also in analysis: the Poles (Malyarchuk et al., 2002a), the Austrians (Parson et al., 1998), the Lithuanians (Kasperaviciute, Kucinskas, 2002), the Estonians, Finns and Karelians (Sajantila et al., 1995), the Tatars and Mari (Орехов, 2002), the Adygei (Macaulay et al., 1999)

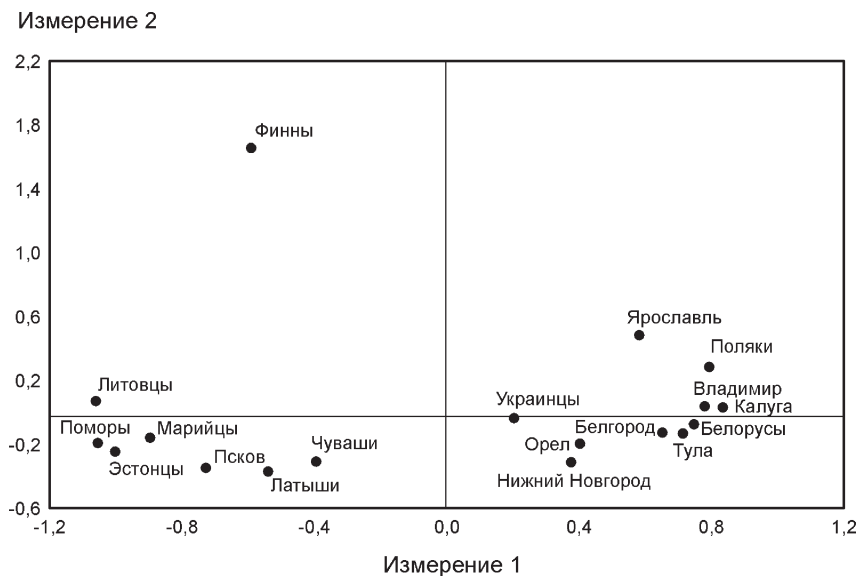


Рис. 5. Многомерное шкалирование F_{ST} -дистанций между европейскими популяциями по данным об изменчивости Y-хромосомы. Русские популяции обозначены по названию областных центров. Для анализа использованы также данные, опубликованные в работе Россеры с соавторами (Rosser et al., 2000)

Fig. 5. Multidimensional scaling of F_{ST} -distances between European populations based on Y-chromosome variability data. Russian populations are designated in accordance with the names of area (Oblast') centers. The data published in the study by Rosser et al. (2000) are also used in the present study

(по данным: Rosser et al., 2000). В дополнение к изученным нами выборкам русских из популяций Псковской, Ярославской, Владимирской, Калужской, Тульской, Орловской, Нижегородской и Белгородской областей были использованы литературные данные о полиморфизме Y-хромосомы в популяции русских поморов (Wells et al., 2001). Проведенный нами анализ показал (см. рис. 5), что лишь некоторые русские популяции (псковская и поморская) демонстрируют выраженное сходство с финно-угорскими и балтскими популяциями Северной и Восточной Европы, однако подавляющее большинство русских популяций кластеризуется со славянскими популяциями (поляками, украинцами, белорусами). Это обусловлено особенностями генетических структур изученных популяций: большинство русских популяций, подобно украинцам и белорусам, характеризуется высокой частотой группы R1a и умеренной или низкой частотой группы N3. Некоторые из них (например, псковская и поморская) демонстрируют, подобно финно-угорским и балтским популяциям, наоборот, повышенную частоту группы N3 и пониженную R1a.

Таким образом, результаты комбинированного анализа позволяют заключить, что русские популяции дифференцируются на несколько зон по степени выраженности центральноевропейского генетического компонента как материнского, так и отцовского происхождения. Лишь популяции южной и западной частей восточноевропейского ареала русских характеризуются преобладанием центральноевропейских линий мтДНК и Y-хромосомы; в центральной и восточной частях это соответствие нарушается, так как начинают доминировать восточноевропейские линии мтДНК; и лишь в некоторых популяциях северной части ареала

ла русских наблюдается комбинация линий мтДНК и Y-хромосомы, характерная для финно-угорского населения. Полученные генетические данные в целом согласуются с данными антропологии (Рычков, Балановская, 1988), в соответствии с которыми лишь в западной части этнической территории русские являются потомками славян; в центральной части русское население сформировалось в результате смешения славян и дославянского финно-угорского населения, а на востоке и в северной части ареала произошло замещение дославянских языков и культуры славянскими. Между тем генетические данные позволили глубже определить причины наблюдаемых генетических и антропологических различий. Исходя из распределения линий мтДНК и Y-хромосомы в русских популяциях, становится очевидным, что наблюдаемая «трехзональная» картина дифференциации русских популяций обусловлена различным участием мужчин и женщин в миграциях славян. По всей видимости, лишь на ранних этапах продвижения славян в Восточную Европу (до IX в. н. э.) в миграциях участвовали женщины, а более поздние этапы русской колонизации востока и севера Восточной Европы осуществлялись уже в основном мужчинами. Полученная картина генетической дифференциации русского населения Восточной Европы нуждается, конечно, в уточнениях, в связи с чем дальнейшие исследования изменчивости мтДНК и Y-хромосомы в различных популяциях русского населения представляются вполне актуальными.

Авторы признательны всем своим коллегам, принимавшим участие в данном исследовании на разных этапах его выполнения: Г. А. Денисовой, А. В. Лункиной, И. С. Дмитренко (ИБПС ДВО РАН), С. Ю. Рычкову (ИОГен им. Н. И. Вавилова РАН), доктору Т. Гржибовскому (Институт судебной медицины, Быдгощ, Польша).

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 03-04-48162) и программы фундаментальных исследований Российской академии наук «Динамика генофондов растений, животных и человека».

ЛИТЕРАТУРА

- Алексеева Т. И. Этногенез восточных славян (по данным антропологии). – М. : Изд-во Моск. ун-та, 1973. – 330 с.
- Алексеева Т. И., Алексеев В. П. Антропология о происхождении славян // Природа. – 1989. – №. 1. – С. 60–69.
- Брук С. И. Население мира : этнодемограф. справ. – 2-е изд., перераб. и доп. – М. : Наука, 1986. – 829 с.
- Маларчук Б. А. Дифференциация славян и их генетическое положение среди народов Евразии по данным об изменчивости митохондриальной ДНК // Генетика. – 2001. – Т. 37, № 12. – С. 1705–1712.
- Орехов В. А. Характеристика митотипов представителей трех этнических групп европейской части России : автореф. дис. ... канд. биол. наук. – М., 2002. – 22 с.
- Рычков Ю. Г., Балановская Е. В. Обобщенный картографический анализ в антропологии. Отражение летописных славянских племен в антропологической географии современного русского населения // Вопр. антропол. – 1988. – Вып. 80. – С. 3–37.
- Седов В. В. Происхождение и ранняя история славян. – М. : Наука, 1979. – 157 с.
- Behar D. M., Thomas M. G., Skorecki R. et al. Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y-chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries // Am. J. Hum. Genet. – 2003. – Vol. 73. – P. 768–779.
- Jobling M. A., Tyler-Smith C. The human Y-chromosome: an evolutionary marker comes of age // Nat. Rev. Genet. – 2003. – Vol. 4. – P. 598–612.
- Kasperaviciute D., Kucinskas V. Variability of the human mitochondrial DNA control region sequences in the Lithuanian population // J. Appl. Genet. – 2002. – Vol. 43. – P. 255–260.
- Macaulay V., Richards M., Hickey E. et al. The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs // Am. J. Hum. Genet. – 1999. – Vol. 64. – P. 232–249.
- Malyarchuk B. A., Grzybowski T., Derenko M. V. et al. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians // Ann. Hum. Genet. – 2002a. – Vol. 66. – P. 261–283.
- Malyarchuk B. A., Grzybowski T., Derenko M. V. et al. Mitochondrial DNA variability in Bosnians and Slovenians // Ann. Hum. Genet. – 2003. – Vol. 67. – P. 412–425.
- Malyarchuk B. A., Derenko M. V., Grzybowski T. et al. Differentiation of mitochondrial DNA and Y-chromosome in Russian populations // Human Biology. – 2004. – Vol. 76. – P. 877–900.
- Malyarchuk B. A., Derenko M. V., Denisova G. A. et al. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA and Y-chromosome in Russian populations // Am. J. Hum. Genet. – 2002b. – Vol. 71 (Suppl.). – P. 354.
- Orekhov V. A., Poltoraus A., Zhivotovsky L. A. et al. Mitochondrial DNA sequence diversity in Russians // FEBS Letters. – 1999. – Vol. 445. – P. 197–201.
- Parson W., Parsons T. J., Scheithauer R., Holland M. M. Population data for 101 Austrian Caucasian mitochondrial DNA d-loop sequences: Application of mtDNA sequence analysis to a forensic case // Int. J. Legal Med. – 1998. – Vol. 111. – P. 124–132.
- Renfrew C. Archaeogenetics: towards a population prehistory of Europe // Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe / eds. C. Renfrew, K. Boyle. (McDonald Institute Monographs) – Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, 2000. – P. 3–11.
- Richards M. B., Macaulay V. A., Bandelt H.-J., Sykes B. C. Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe // Ann. Hum. Genet. – 1998. – Vol. 62. – P. 241–260.

Richards M. B., Macaulay V. A., Hickey E. et al. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool // *Am. J. Hum. Genet.* – 2000. – Vol. 67. – P. 1251–1276.

Rosser Z. H., Zerjal T., Hurles M. E. et al. Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language // *Am. J. Hum. Genet.* – 2000. – Vol. 67. – P. 1526–1543.

Sajantila A., Lahermo P., Anttinen T. et al. Genes and languages in Europe – an analysis of mitochondrial lineages // *Genome Res.* – 1995. – Vol. 5. – P. 42–52.

Wells R. S., Yuldasheva N., Ruzibakiev R. et al. The Eurasian heartland : A continental perspective on Y-chromosome diversity // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 2001. – Vol. 98. – P. 10244–10249.

Zerjal T., Beckman L., Beckman G. et al. Geographical, linguistic, and cultural influences on genetic diversity: Y-chromosomal distribution in Northern European populations // *Mol. Biol. Evol.* – 2001. – Vol. 18. – P. 1077–1087.

Поступила в редакцию 17.03.2005 г.

MOLECULAR GENETICS ON THE ORIGIN AND DIFFERENTIATION OF THE SLAVS

B. A. Malyarchuk, M. V. Derenko

Based on our own and literary data on the distribution of mitochondrial DNA (mtDNA) and Y-chromosome markers in populations of the Slavs, a common origin of the Western, Southern and Eastern Slavs was established. A study of mtDNA and Y-chromosome polymorphisms in Russian populations of European part of Russia revealed that Russian populations appear to be much more differentiated in terms of their paternal lineages than in the maternal ones (F_{ST} values were estimated as 3.1 and 0.42%, respectively). It was found that Russian populations are differentiated into three geographical areas depending on the expression level of the Central European genetic component represented both by mtDNA and Y-chromosomal lineages. The genetic differences between modern Russian populations are assumed to have been due to a different participation of the Slavic males and females in peopling processes during their colonization of Eastern Europe, beginning from the early Middle Ages.

Key words: mitochondrial DNA, Y-chromosome, the Slavs, molecular phylogeography, ethnogenesis.