

# ГЕНОФОНД БЕЛОРУСОВ ПО ДАННЫМ О ТРЕХ ТИПАХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ – АУТОСОМНЫХ, МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ, Y ХРОМОСОМЫ

Балановский О.П.1, Тегако О.В.2

1Государственное учреждение Медико-генетический научный центр РАМН,  
Москва (Россия)

2Институт искусствоведения, этнографии и фольклора НАН Беларуси,  
Минск (Беларусь)

## ВВЕДЕНИЕ

Изучение этногенеза и этнической истории представляет важную фундаментальную проблему, к решению которой все шире привлекается не только антропология, но и антропогенетика. Среди обширного перечня исторических источников важное место начинают занимать данные о структуре генофонда народа – генетических особенностях населения в различных частях этнического ареала. Генофонд хранит генетическую память об этногенезе. Генетическая летопись, передаваясь в непрерывной цепи поколений, фиксирует события, связанные с перемещениями людей. Это позволяет выделить именно те явления в генофонде, которые неразрывно связаны с демографической историей населения, его миграциями и смешениями, динамикой численности, контактами с соседними этносами и процессами внутренней дифференциации.

Современная антропогенетика стремительно совершенствует инструменты исследования этногенеза, каждый из которых позволяет реконструировать разные аспекты этнических процессов. Наибольшая информативность достигается параллельным анализом всех трех основных типов генетических маркеров, отражающих три главных магистрали микроэволюции популяций:

- 1) Митохондриальная ДНК – только материнские линии передачи наследственной информации (дочери получают эти гены только от матери, она – от своей матери, и так непрерывная цепь передачи информации по материнской линии приходит из глубины времен).
- 2) Y хромосома – только отцовские линии передачи наследственной информации (сыну – только от отца, ему – от своего отца, и так непрерывная цепь передачи информации по отцовской линии);
- 3) Аутосомные маркеры – микроэволюция основной части генофонда (к аутосомным маркерам относятся подавляющая часть генома,

переданная от обоих родителей, но рекомбинирующая, то есть «перетасовывающаяся» в процессе передачи информации).

Гаплогруппы Y хромосомы занимают особое место. Уникальная возможность дифференцировать миграции в пространстве и времени, огромная межпопуляционная изменчивость, географические тренды в частотах гаплогрупп – все эти особенности Y хромосомы несут важную информацию о процессах формирования генофонда. Однако маркеры Y хромосомы фиксируют лишь одну своеобразную линию микроэволюции. Чтобы иметь полную и объективную картину, надо оценить микроэволюционные траектории и по другим типам маркеров. Лишь свидетельства всех этих «очевидцев» в комплексе могут дать объективную картину структуры белорусского генофонда и его положения среди других народов Европы. Интенсивными исследованиями, проводимыми ведущими лабораториями мира, уже охвачены практически все народы Европы и смежных регионов. Лишь белорусы являлись одним из немногих народов, до настоящего времени практически неизвестных в отношении полиморфизма этих ДНК маркеров. Заполнение этого «белого пятна» является приоритетным направлением науки.

## 2

### МАТЕРИАЛЫ

В 2004-2005 годах проведено полевое обследование генофонда белорусов. Сбор образцов венозной крови осуществлен среди коренного сельского населения двух популяций, представляющих основные географические и этнографические подразделения белорусского этноса: северных (Витебская область) и южных (Брестская и Гомельская области) белорусов. Для обследования выбраны районы с высокой долей коренного неметисированного населения. Изучен ряд несмежных населенных пунктов для получения репрезентативной характеристики региона в целом, а не отдельных локальностей. Все обследованные индивидуумы анкетированы по единой программе. В итоговую выборку включены только пробанды, все предки которых на глубину трех поколений происходят из данного региона и являются белорусами. Обследование проведено на основе принципа информированного согласия и под контролем Этической комиссии ГУ МГНЦ РАМН: каждый обследуемый давал письменное информированное согласие на данное обследование. Забор венозной крови осуществлялся системой «Вакуэт» для соблюдения стерильности на уровне европейских стандартов.

Для сравнительного исследования привлечены полностью сопоставимые данные по 14 русским популяциям [Balanovsky et al., 2008] и 5 украинским популяциям [Пшеничнов, 2007], полученными нашим коллективом строго по

той же программе, что и для генофонда белорусов. Генотипирование маркеров Y хромосомы и митохондриальной ДНК проведено О.П. Балановским, аутомных ДНК маркеров – Мансуровым Р.И., Соловьевой Д.М., Дибировой Х.Д., Кузнецовой М.А., Фроловой С.А.[Мансуров и др., 2006].

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЛАНДШАФТ Y ХРОМОСОМЫ

Для Европейского субконтинента при изучении генофондов наиболее информативны маркеры Y хромосомы. Распределение гаплогрупп митохондриальной ДНК (мтДНК) и аутомных маркеров в европейских популяциях, к сожалению, единообразно и требуется прилагать специальные усилия, чтобы выявить различия между популяциями разных народов. Напротив, по Y хромосоме межэтнические различия огромны, и тем самым Y хромосома является идеальной генетической системой для изучения истории генофонда: прослеживания миграций населения, смешения различных групп, действия генетико-автоматических факторов.

В генофонде белорусов нами обнаружены 12 гаплогрупп Y хромосомы: E3b1, E3b3, G2, I(xI1a,I1b,I1c), I1a, I1b, I1c, J1, J2, N3, R1a, R1b3. Наиболее распространены у белорусов четыре гаплогруппы: R1a, I1b, N3, R1b3 (частота каждой из этих гаплогрупп – более 5%, гаплогруппы перечислены в порядке убывания частоты). Наибольшая часть генофонда белорусов представлена гаплогруппой R1a (60%), и гаплогруппой I1b (17%).

Для исследования характера распространения этих гаплогрупп в других частях Евразии были привлечены литературные данные. Высокие частоты гаплогруппы R1a типичны как для славяноязычных народов (в том числе и всех восточных славян), так и для некоторых тюркоязычных народов Северной Евразии. Эта гаплогруппа вообще широко распространена в Евразии, но внутри Европы более характерна для восточной, чем для западной её части. Гаплогруппа I1b достигает максимальной частоты у хорватов и боснийцев и наиболее распространена в балканском регионе (от 15 до 40%). За пределами этого региона она встречается с меньшей частотой (7-17%) у всех славяноязычных народов Восточной Европы. Гаплогруппа N3 характерна для финноязычных народов Восточной Европы и балтов: на границе ареалов белорусов и балтов происходит резкое падение частоты N3. Гаплогруппа R1b 3 встречается у белорусов с небольшой частотой: это гаплогруппа, более характерная для населения Западной Европы.

Итак, по спектру гаплогрупп Y хромосомы белорусский генофонд предстаёт как

европейский (R1b3), восточноевропейский(по преобладаниюR1a) и северный восточноевропейский(по присутствиюN3). ГаплогруппаI1b отражает связь с миром Южной Европы.

Южные и северные белорусы очень похожи друг на друга: основная часть генофонда маркеровY хромосомы в обеих изученных белорусских популяциях представлена одним и тем же набором гаплогрупп и близкими частотами. Отличия двух белорусских популяций друг от друга выявляются на уровне тенденций. Несколько большая частота гаплогруппыN3 на севере может быть связана с большей ролью субстратного дославянского населения в формировании современного генофонда. В большей частоте гаплогруппыR1b3 на юго-западе, чем на севере прослеживается общеевропейский тренд изменчивости частоты этой гаплогруппы.

### С КЕМ СХОДНЫ БЕЛОРУССКИЕ ПОПУЛЯЦИИ ПО Y ХРОМОСОМЕ?

По результатам многомерного анализа, обе белорусские популяции, будучи географически удалены, тем не менее, чрезвычайно сходны генетически. Несмотря на большое географическое расстояние между изученными белорусскими популяциями, генетическое расстояние между ними меньше среднего расстояния между украинскими популяциями или между русскими популяциями. Генетическое сходство между белорусскими популяциями особенно ярко проявляется на фоне общего европейского разнообразияY хромосомы.

Различия между северными и юго-западными белорусами всё же проявляются – в большем тяготении северных белорусов к русским Тверской области, а южных белорусов – к русским Воронежской области. Таким образом, сходны популяции, находящиеся примерно на одной географической широте, в то время как между популяциями разных широт наблюдаются большие различия.Рис. 1.

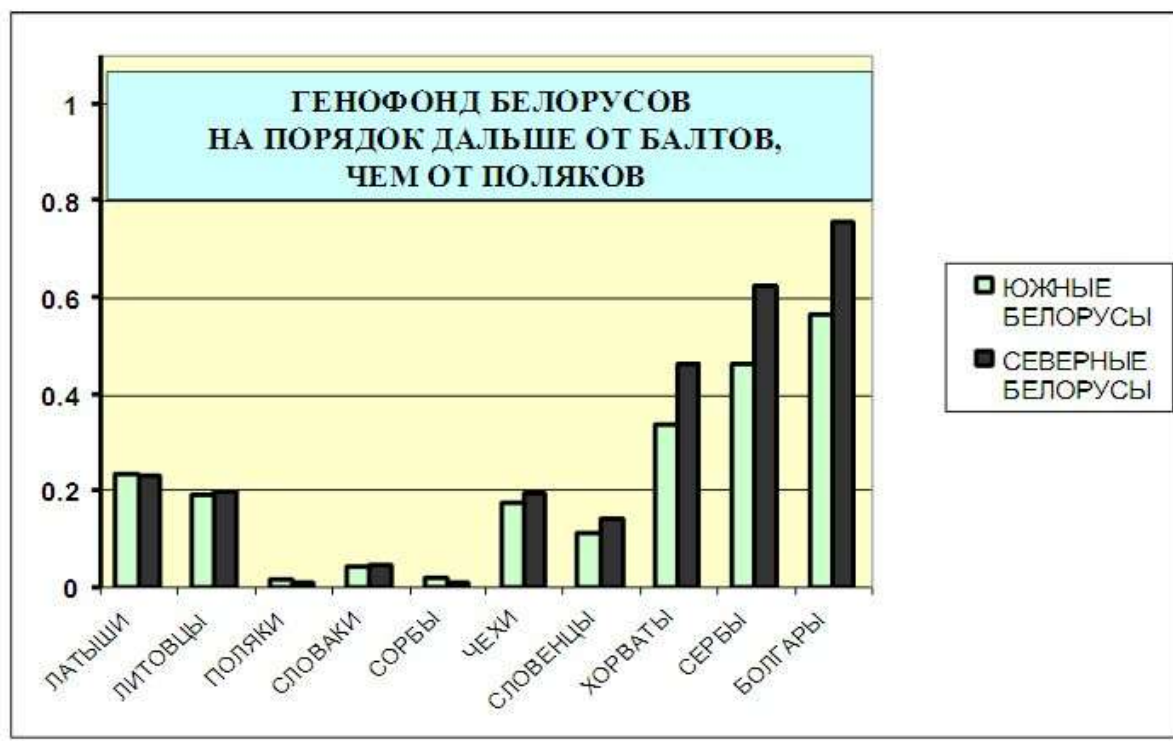


Рис. 1. Генетические расстояния от белорусских популяций до народов Европы по данным о гаплогруппах Y хромосомы (отцовская линия наследования)  
 Светлые столбцы - генетические расстояния от южных белорусов.  
 Темные столбцы - генетические расстояния от северных белорусов.

Сравним теперь генофонд белорусов с другими генофондами народов Европы (рис. 1). Поскольку предполагается, что балтский субстрат может быть существенен в генофонде белорусов, рассмотрим – насколько близок генофонд белорусов к современным балтам? Мы видим, что генетические расстояния до балтов – и от северных, и от южных белорусов – одинаково велики: до латышей  $d=0.23$ , до литовцев  $d=0.20$ . До многих популяций западных славян это расстояние на порядок меньше: до поляков  $d=0.01$ , до сорбов (лужичан)  $d=0.02$ , словаков  $d=0.04$ . От белорусов до украинцев в среднем генетическое расстояние столь же мало:  $d=0.04$ , варьируя между разными популяциями от  $d=0.01$  (между южными белорусами и подольскими украинцами) до  $d=0.08$  (между северными белорусами и западными украинцами).

От белорусов до русских популяций в среднем генетическое расстояние немногим больше:  $d=0.06$ . Но если исключить генетически резко своеобразные северные русские популяции (расстояние от белорусов до них составляет около  $d=0.17$ ), то расстояние до остальных русских популяций снизится всего лишь до  $d=0.02$ .

Таким образом, по наиболее генетически информативным маркерам Y хромосомы белорусы обнаруживают высокое сходство с восточными славянами и большинством западных славян, но генетически далеки от

балтов. Причем удаленность от балтов одинаково велика и для северных, и для южных белорусов.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЛАНДШАФТ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

Однако маркеры Y хромосомы выявляют лишь одну из трех траекторий микроэволюции генофонда – по отцовской линии передачи информации, и потому отражают особенности миграций, относящихся к мужской части популяции. Вторая траектория – по материнской линии передачи информации – анализируется с помощью маркеров митохондриального генома (мтДНК), фиксирующих следы миграций в «женской» части популяции. Маркеры мтДНК обладают всеми основными преимуществами Y хромосомы – возможностью анализа «генетического текста» в целом, возможностью филогеографического анализа, т.е. определения места и времени миграционных потоков. Но изменчивость мтДНК в европейских популяциях обычно намного ниже, чем Y хромосомы.

Однако анализ частот гаплогрупп мтДНК выявил существенные различия между южными и северными белорусами. Оно достигается за счет выраженного своеобразия северных белорусов, которое не связано с балтским субстратом в материнских линиях наследования – северные белорусы в равной степени генетически удалены и от балтов, и от западных славян (в том числе и от поляков), и от финно-угров, и от практически всех популяций восточных славян [Балановский, 2005]. Возможно, этот результат связан с дрейфом генов – только увеличение выборок северных белорусов поможет дать более корректное объяснение своеобразия северных белорусов. Очень велико сходство южных белорусов с южными и западными русскими популяциями: к ним южные белорусы в 3-5 раз генетически ближе, чем к северным белорусам.

В генофонде белорусов нами обнаружены 23 гаплогруппы мтДНК: С, F, G, H, HV, I, J, K, N, N1b, pre-HV, pre-V, R, T, U2, U3, U4, U5a, U5b, U7, U8(xK), V, W. Из них 17 встречаются со средней частотой, удовлетворяющей 1% критерию полиморфизма. Наиболее распространены у белорусов четыре гаплогруппы: H, J, U5a, T (частота каждой из этих гаплогрупп – более 5%, гаплогруппы перечислены в порядке убывания частоты). Наибольшая часть генофонда белорусов представлена гаплогруппой H (38%), а остальные частые гаплогруппы J, U5a, T встречаются в 4 раза реже (7-10%)

НАСКОЛЬКО ПОПУЛЯЦИИ БЕЛОРУСОВ СХОЖИ МЕЖДУ СОБОЙ?

Ответить на этот вопрос можно, лишь сравнив разные генофонды по их гетерогенности – генетическим различиям между популяциями, относящиеся к одному этносу [Balanovsky et al 2007]. Рис. 2 демонстрирует выявленные различия между популяциями каждого из восточнославянских народов по гаплогруппам Y хромосомы и мтДНК.



Рис. 2. Гетерогенность генофондов белорусов, украинцев и русских по данным о гаплогруппах Y хромосомы (отцовская линия наследования) и митохондриальной ДНК (материнская линия наследования).  
<http://www.misism.com>

Мы видим, что по обоим типам маркеров различия между белорусами меньше, чем различия между украинцами или между русскими популяциями.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЛАНДШАФТ АУТОСОМНЫХ МАРКЕРОВ

Третья траектория эволюции генофонда выявляется с помощью анализа аутомомных маркеров. Они составляют подавляющую часть всего генома (>99%). Поэтому с их помощью выявляется основной «портрет» генофонда. Однако аутомомные гены «перетасовываются» в процессе рекомбинации при передаче из поколения в поколение. Поэтому, в отличие от маркеров

Y хромосомы и мтДНК, их «генетический текст» не сохраняется неизменным от поколения к поколению. Именно поэтому лишь одновременный анализ всех трех типов маркеров, всех трех траекторий

микроэволюции позволяет получить емкую и максимально объективную картину истории формирования народа и его генофонда.

## ГЕОГРАФИЯ ГЕНА УСТОЙЧИВОСТИ К СПИДУ (CCR5del32).

В последние десять лет мутация – делеция 32 нуклеотидов в гене рецептора хемокинов CCR5 - привлекает большое внимание исследователей. Дело в том, что эта мутация определяет устойчивость к ВИЧ-1 инфекции: гомозиготы по этой мутации почти полностью устойчивы к инфицированию ВИЧ-1.

Молекулярные механизмы устойчивости хорошо изучены. Вирус использует хемокиновый рецептор для проникновения в клетку. Мутация delta32 (делеция 32 нуклеотидов) приводит к отсутствию рецептора на поверхности клетки, что препятствует инфекции. В то время как гомозиготы обладают почти полной устойчивостью, у гетерозиготных пациентов инфекция все-таки происходит, но СПИД развивается медленнее, на два-три года позже. Кроме delta32, в гене CCR5 и прочих генах семейства хемокинов (CCR2, SDF1) обнаружены и другие мутации. Некоторые из них тоже снижают темпы инфицирования, но в существенно меньшей степени, чем CCR5 delta32.

Аллель, несущий делецию, встречается главным образом у европейцев (в среднем 10%). Частота в Европе снижается с севера на юг. За пределами Европы делеция встречается с низкими частотами в смежных регионах (Северная Африка, Ближний Восток, Средняя Азия), но отсутствует в более отдаленных от Европы регионах: Африке южнее Сахары, Восточной и Юго-Восточной Азии, и в коренном населении Америки [Martinson et al., 1997, 2000]. Такой простой тренд необычен для распространения генов в популяциях человека. И он стал особенно интригующим, когда появились данные по возрасту мутации. Основываясь на изменчивости микросателлитов, сцепленных с геном CCR5, Либерт с коллегами [Libert et al., 1998] показали, что мутация возникла примерно 2000 лет назад. Данные другой группы [Stephens et al., 1998] дали мутации еще более молодой возраст (700 лет). Впрочем, 95% доверительные интервалы в обоих случаях покрывают несколько тысячелетий. Тем не менее, нет сомнений, что мутация возникла лишь однажды и возникла в Европе. Следовательно, частота мутации в населении Европы возросла от нуля до 10% за сравнительно короткое время. Согласно законам популяционной генетики, такое резкое изменение частоты в столь большой популяции не может быть вызвано случайным дрейфом генов [см. обзор Galvani, Novembre, 2005]. Следовательно, остается предполагать действие естественного отбора в



пользу этой мутации; такое сразу же возникающее впечатление было подтверждено и математическим моделированием [Stephens et al., 1998].

Факторы, повлиявшие на распространение мутации  $\Delta 32$ , к настоящему времени не известны – поэтому существует целый ряд гипотез и работ, посвященных их проверке. Для их лучшего понимания необходимо, в первую очередь, иметь точную картину распространения делеции в населении мира. Для этого нами была собрана наиболее полная мировая сводка по данным о распространении  $\Delta 32$  – она включила более 300 популяций мира. Эти данные сведены в общемировую базу данных по частотам мутации  $\Delta 32$  [Balanovsky et al., 2005]. На ее основе построена карта распространения мутации  $\Delta 32$  в населении Евразии. Карта построена по данным о 185 наиболее надежных евразийских популяциях, из них 35 – собственные неопубликованные данные.

На карте видна четкая закономерность: частота максимальна на севере Европы (на побережьях Балтийского и Белого морей), и во всех направлениях от этой зоны частота плавно снижается. Модификация этой карты, вычлняющая основной паттерн изменчивости в Евразии, демонстрирует концентрические круги – постепенное убывание частоты по мере удаления от зоны максимальных частот в Беломоро-Балтийском регионе [Balanovsky et al., 2005]. Для данного маркера в масштабе Евразии свойственна едва ли не самая четкая и простая пространственная изменчивость, которую только приходилось видеть.

По частоте  $\Delta 32$  северная Белоруссия занимает промежуточное положение между популяциями западного и восточного Полесья. Такой же тренд мутации – с запада на восток – выявляется и для украинских популяций. В масштабах всей Европы это часть общего тренда, связанного с максимальной частотой делеции на северо-западе Европы (в южной Скандинавии, где, видимо, эта делеция возникла) и её падением при движении на юг и на восток.

Белорусские популяции соответствуют основному Евразийскому тренду. В целом в Белоруссии обнаруживается разнообразие по гену устойчивости к СПИДу ( $\Delta 32$ ) и общеевропейский тренд – падения частоты гена с северо-запада на юго-восток.

## ПАНЕЛЬ АУТОСОМНЫХ ДНК МАРКЕРОВ

Генофонд белорусов впервые изучен по широкой панели аутосомных диаллельных ДНК маркеров (CCR5, ACE, PV92, TPA25, FXIII, APO1, A25,

В65) [Мансуров и др., 2006], что позволяет провести анализ структуры белорусского генофонда и положения среди других народов.

Рассмотрение генофондов восточных славян показало, что, в отличие от митохондриального генома, по аутосомным маркерам оказываются наиболее своеобразными южные, а не северные белорусы: они расположены по аутосомным ДНК маркерам ближе к средним показателям украинского и русского генофондов.

Мы оценили положение генофонда белорусов среди других генофондов Западной Евразии.

По аутосомным ДНК маркерам все восточные славяне входят в один кластер Восточной Европы. Однако русские и украинские популяции расположены ближе друг к другу, чем к белорусам. Этот восточно-европейский кластер объединяется в суперкластер с регионами Северо- Западного Кавказа, Юго- Западной Азии, Балкан и Южной Европы. Он противопоставлен другому суперкластеру, включающему Западную Европу, Закавказье и Восточный Кавказ

Эта матрица генетических расстояний представлена на графике многомерного шкалирования (рис.3), который позволяет увидеть некоторые детали. Русские и украинцы оказываются ближе к популяциям Западной и Южной Европы, чем белорусы. К сожалению, по этим маркерам не изучены ближайшие западные и северные соседи белорусов, и в частности, балтские народы.

Можно предполагать, что некоторое своеобразие генофонда белорусов связано с вкладом балтского субстрата.

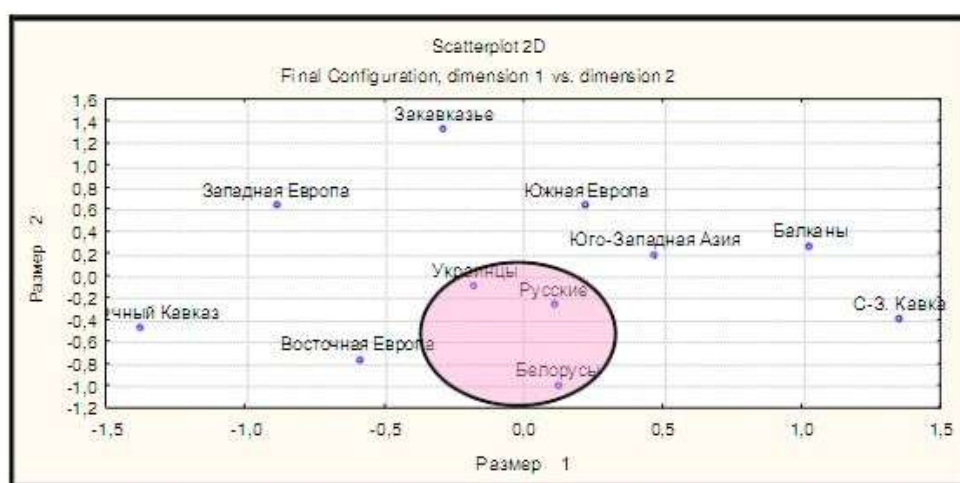


Рис. 3. Многомерное шкалирование регионов Западной Евразии по восьми параллельным маркерам (ACE, PV92, TPA25, FXIII, APO1, A25, B65, CCR5del32)

## КАРТОГРАФИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БЕЛОРУССКОГО ГЕНОФОНДА

Однако наиболее мощным и точным инструментарием геногеографии являются не методы многомерной статистики, а компьютерный картографический анализ. Он проведен для всех типов маркеров и для разных генофондов – белорусов, русских, украинцев, Восточной Европы, Европы в целом и Евразии.

Не имея возможности в статье привести все множество карт (продемонстрированных в докладе и частично приведенных в монографии [Балановская, Балановский, 2007]), укажем основные выводы картографического анализа.

1). Карты главных компонент белорусского генофонда и по данным о классических (иммуно-

биохимических) маркерах, и по данным об аутосомных ДНК маркерах выявляют один и тот же главный сценарий изменчивости генофонда белорусов. Четкая широтная изменчивость является

главной закономерностью белорусского генофонда: одни частоты генов оказываются характерны для юга Белоруссии, тогда как северная часть ареала занята несколько отличным генофондом. При этом большая часть ареала занята промежуточными значениями, переходными между крайним северным и крайним южным вариантами.

Итак, главный вывод картографического анализа генофонда белорусов: широтная изменчивость – постепенный переход, различия между северными и южными популяциями – является основной закономерностью белорусского генофонда.

2). Другая важная закономерность, выявляемая картами главных компонент, – ядра своеобразных значений расположены не внутри ареала белорусов, а на границах. Они свидетельствуют об интенсивных потоках генов из других этносов и о том, что особенности генофонда белорусов складывались на основе взаимодействия с соседними этносами.

3). Выявленная у белорусов основная закономерность «север- юг» является частью общего восточноевропейского тренда. Хотя в целом он имеет долготную изменчивость «юго- запад- восток» на всем пространстве Восточной Европы, но именно в той его части, где расположен ареал белорусов и их ближайших соседей, он имеет локальные широтные особенности.

4). Насколько такая картина характерна для других восточных славян? Детальный анализ русского генофонда [Балановская, Балановский, 2007] показал, для русских популяций также характерна широтная изменчивость «север-юг». Однако она является своей, собственной, характерной именно для русского генофонда: при анализе всех популяций Восточной Европы в

русском ареале обнаруживается не широтный, а долготный восточно-европейский тренд «юго-запад- восток». Предполагается, что такая особенность русского генофонда связана с историей его формирования: двух потоков древних славянских племен – северного (новгородского) и южного. Вторая важная закономерность русского генофонда- ядра своеобразных значений расположены внутри русского ареала, а не на его границах. Это указывает, что не миграционные процессы, а особенности собственного саморазвития русского генофонда сформировали основной генетический ландшафт русского генофонда.

5). Итак, карты главных компонент выявляют сходство главного тренда белорусского генофонда и с русским генофондом, и со всем генофондом Восточной Европы. Это позволяет считать, что белорусский генофонд входит в генетическое пространство и русского генофонда, и генофонда Восточной Европы, а своеобразие на границах ареала белорусов обусловлено контактами с другими этносами (потоки генов).

6). Этот вывод подтвержден и другим независимым анализом – картографированием генетических расстояний. Карты расстояний от русского генофонда ярко демонстрируют, что белорусы входят в генетическое пространство русского генофонда, близкого к генофонду всех восточных славян. Причем белорусские популяции расположены ближе к средним русским показателям, чем многие русские популяции (особенно на севере и востоке русского ареала). В целом, русский генофонд наиболее полно представляет генофонд всех восточных славян, а белорусский генофонд – малую часть его изменчивости.

7). Карты генетических расстояний от белорусского генофонда подтверждают, что белорусы отражают лишь одну из частей генофонда восточных славян и связаны с ними мощными генными потоками. По сравнению с русским генофондом изменчивость белорусского генофонда мала. Обнаруживается широкая переходная зона- плавное «перетекание» белорусского генофонда в генофонды восточных славян.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ.

Полученные нами новые данные о белорусских популяциях позволили заполнить «белое пятно» на генетической карте Восточной Европы. Благодаря этому, было выявлено существование генетической общности, занимающей обширную территорию.

По маркерам Y хромосомы при сравнении белорусских популяций с популяциями Восточной, Западной, Северной и Южной Европы, выявлена генетическая общность, охватывающая территорию от Польши до запада Центральной России, включая Белоруссию. На юге граница общности проходит между ареалом белорусов и украинцев (возможно, область колебаний границы леса и лесостепи в исторический период), на северо-востоке – между белорусами и северо-западной областью русского ареала.

Общность образует единый плотный кластер, включающий белорусов, поляков, русских юго-западных областей (Белгородской, Воронежской, Курской, Орловской областей), а также русских Тверской области.

По частотам гаплогрупп мтДНК выявлены различия между южными и северными белорусами. Они формируются за счет выраженного своеобразия северных белорусов. По гену устойчивости к СПИДу (CCR 5del32) генофонд белорусов следует Евразийскому тренду. Между белорусскими популяциями наблюдаются различия, соответствующие общеевропейскому тренду: падение частоты гена с северо-запада на юго-восток. По большой панели аутомных ДНК маркеров все восточные славяне входят в один кластер Восточной Европы. По большой панели классических маркеров, как и по аутомным ДНК маркерам, все восточные славяне входят в один кластер. При этом генетические различия между белорусскими популяциями невелики: и южные, и северные белорусы входят в единый кластер. Картографический анализ генофонда белорусов показал, что основной закономерностью белорусского генофонда является широтная изменчивость – постепенный переход между северными и южными популяциями. Сравнительный картографический анализ с другими генофондами Европы показал, что белорусский генофонд входит в генетическое пространство и русского генофонда, и генофонда Восточной Европы. При этом генофонд белорусов объемлет небольшую часть изменчивости общего восточнославянского генофонда.

### **Сформулируем краткие ответы на некоторые вопросы истории формирования генофонда белорусов.**

1. Насколько популяции белорусов генетически схожи между собой?

Различия между белорусскими популяциями меньше, чем различия между украинскими популяциями и намного меньше, чем различия между русскими популяциями. То есть разные популяции белорусов генетически очень похожи друг на друга.

2. Насколько генофонд белорусов похож на балтов и насколько – на славян?

По отцовской линии отличия белорусов от балтов выражены очень явно – по гаплогруппам Y белорусы принадлежат к кругу восточных и западных славян. По материнской линии (гаплогруппы мтДНК) белорусы в равной степени похожи и на балтов, и на славян – как западных, так и восточных, приближаясь лишь к южным и западным русским популяциям. Можно выдвинуть гипотезы, что женская часть популяции представляет более древний субстрат или же что брачные миграции женщин охватывали очень широкий ареал и включали представительниц разных этносов, тогда как славянская экспансия нашла отражение в миграциях, главным образом,

мужской части славянского населения. Эти гипотезы требуют проверки на более обширном материале.

### 3. Насколько популяции белорусов похожи на других восточных славян?

Сходство очень велико. Данные генетики свидетельствуют о том, что особенности генофонда белорусов складывались на основе взаимодействия с соседними славянскими этносами и основной генетический ландшафт белорусского генофонда сформирован миграционными процессами, а не особенностями собственного саморазвития. Обнаруживается широкая зона плавного «перетекания» белорусского генофонда в генофонды русских и украинцев. Белорусы отражают лишь относительно малую часть генофонда восточных славян и связаны с ним мощными генными потоками.

### 4. Кто из восточных славян генетически ближе к «прапопуляции»?

Ни один из генофондов – ни русский, ни украинский, ни белорусский – не может считаться генетически «предковым» по отношению к другим. Только все вместе в совокупности они воспроизводят черты общей восточнославянской и отчасти праславянской общности. Генетические факты вновь со всей очевидностью свидетельствуют: нет народов «отличников», нет народов «троечников», а есть наша общая история на протяжении жизни всего человечества.

В целом, в результате многолетнего исследования получена характеристика генофонда белорусов по широчайшему спектру генетических маркеров, установлены генетические связи с соседними группами населения. Оно позволило разрешить ряд старых вопросов и сформулировать новые научные проблемы. Для решения этих проблем необходимо продолжить широкое комплексное изучение белорусского генофонда.

<http://www.scribd.com/doc/14149909/Belorussian-gene-pool-on-three-genetic-markers-data>

Работа выполнена при поддержке грантов РГНФ  
06-06-00640 а , 07  
-01-12114в и РФФИ 07-06-00086а

#### Литература

Балановская Е.В., Балановский О.П. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 2007. 416 с.

Балановский О.П. База данных о полиморфизме митохондриальной ДНК в населении мира –  
Новый Интернет - ресурс для исследований в популяционной, медицинской генетике и криминалистике  
//Медицинская генетика. 2005. № 4. С. 154.

Балановский О.П., Ротси С., Чурносов М.И., Почешхова Э.А., Болдырева М.Н., Евсеева И.В., Виллемс Р., Балановская Е.В. К вопросу о таксономической ценности разных классов ДНК маркеров: закономерная географическая изменчивость Y хромосомы // VII Конгресс этнографов и антропологов России. Саранск. 2007. С. 267.

Мансуров Р.И., Соловьёва Д.С., Тегак О.В., Дибирова Х.Д., Пшеничнов А.С., Кузнецова М.А., Балановский О.П., Воронько О.Е., Фролова С.А., Балановская Е.В. Генофонд северных и южных белорусов по аутосомным ДНК маркерам (7 локусов инсерционно-делеционного полиморфизма) // Материалы Международной Конференции "Генетика в России и мире". Москва, 2006.

Пшеничнов А.С. Структура генофонда украинцев по данным о полиморфизме митохондриальной ДНК и Y хромосомы. Автореф. дис. канд. биол. наук. / ГУ Медико-генетический научный центр РАМН. М., 2007. 29 с.

Balanovsky O., Pocheshkhova E., Pshenichnov A., Solovieva D., Kuznetsova M., Voronko O., Churnosov M., Tegako O., Atramentova L., Lavryashina M., Evseeva I., Borinska S., Boldyreva M., Dubova N., Balanovska E. Is spatial distribution of the HIV-1-resistant CCR5Delta32 allele formed by ecological factors? // *J Physiol Anthropol Appl Human Sci.* 2005 Jul. V 24. N 4. P. 375-382. Balanovsky O., Pshenichnov A., Roots S., Churnosov M., Atramentova L., Tegako L., Yankovsky N. Intra-ethnic variation of the Y chromosome in European countries: a comparative study // *ISABS, Split.* 2007. International Society for Applied Biological Sciences, Split. 2007. P. 121. Balanovsky O., Roots S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., Villems R. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // *Am J Hum Genet.* 2008, V. 82. № 1. P. 236-250. Galvani A.P., Novembre J. The evolutionary history of the CCR5-Delta32 HIV-resistance mutation // *Microbes Infect.* 2005. N 7(2). P. 302-309.

Libert F., Cochaux P., Beckman G., Samson M., Aksenova M., Cao A., Czeizel A., Claustres M., de la Rúa C., Ferrari M., Ferrec C., Glover G., Grinde B., Güran S., Kucinskas V., Lavinha J., Mercier B., Ogur G., Peltonen L., Rosatelli C., Schwartz M., Spitsyn V., Timar L., Beckman L., Parmentier M., Vassart G. The delta ccr5 mutation conferring protection against HIV-1 in Caucasian populations has a single and recent origin in Northeastern Europe // *Hum. Mol. Genet.* 1998. N 7 (3). P. 399-406. Martinson J.J., Chapman N.H., Rees D.C., Liu Y-T., Clegg J.B. Global distribution of the CCR5 gene 32-basepair deletion // *Nature Genet.* 1997. V. 16. P. 100-103. Martinson J.J., Hong L., Karanickolas R., Moore J.P., Kostrikis L.G. Global distribution of the CCR2-64I/CCR5-59653T HIV-1 disease-protective haplotype // *AIDS.* 2000. N 14(5). P. 483-489. Stephens J.C., Reich D.E., Goldstein D.B., Shin H.D., Smith M.W., Carrington M., Winkler C., Huttley G.A., Allikmets R., Schriml L., Gerrard B., Malasky M., Ramos M.D., Morlot S., Tzetis M., Oddoux C., di Giovine F.S., Nasioulas G., Chandler D., Aseev M., Hanson M., Kalaydjieva L., Glavac D., Gasparini P., Kanavakis E., Claustres M., Kambouris M., Ostrer H., Duff G., Baranov V., Sibul H., Metspalu A., Goldman D., Martin N., Duffy D., Schmidtke J., Estivill X., O'Brien S.J., Dean M. Dating the origin of the CCR5-32 AIDS-resistance allele by the coalescence of haplotypes // *Am. J. Hum. Genet.* 1998. V. 62. P. 1507-1515