

# КРИВИЧИ: ПЕРВОЕ ДНК-ГЕНЕАЛОГИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

В.И. Меркулов<sup>1</sup>, Е.В. Пайор<sup>2</sup>, И.Л. Рожанский<sup>3</sup>, В.Р. Хохряков<sup>4</sup>

<sup>1-3</sup>Академия ДНК-генеалогии

Россия, 127591, г. Москва, ул. Дубнинская, дом 26, корпус 1

e-mail: info@dna-academy.ru

<sup>1</sup>Scopus Author ID: 55848349600

ResearcherID: E-5671-2014

<http://orcid.org/0000-0003-0555-0813>

SPIN-код: 1519-7585

<sup>2</sup>SPIN-код: 4246-3927

<sup>3</sup>Scopus Author ID: 6602811767

Researcher ID: M-8875-2018

<http://orcid.org/0000-0002-7571-7626>

SPIN-код: 9823-3659

<sup>4</sup>Национальный парк «Смоленское Поозерье»

Россия, 216270, Смоленская область, п. Пржевальское, ул. Гуревича, 19

e-mail: khokhryakov@yandex.ru

## АВТОРСКОЕ РЕЗЮМЕ

Был проведен анализ Y-ДНК костного образца из захоронения восточнославянского племени кривичей IX – начала X вв. в Смоленской области, что является на сегодняшний день самым ранним из всех известных образцов, надежно принадлежащих славянам. Определенная у него ветвь R1a-YP569 является наиболее характерной для современных уроженцев Волго-Окского междуречья, что согласуется с выводами археологии и диалектологии о роли кривичей в освоении этого региона. По сумме косвенных данных Смоленское Поозерье в раннем средневековье было одним из важнейших центров расселения восточных славян, а маршруты его обитателей сейчас можно проследить методами ДНК-генеалогии.

**КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА:** Y-ДНК, кривичи, восточные славяне, R1a-YP569, Смоленское Поозерье.

## THE KRIVICHIS: THE FIRST DNA-GENEALOGICAL STUDY

Vsevolod Merkulov<sup>1</sup>, Evgeny Payor<sup>2</sup>, Igor Rozhansky<sup>3</sup>, Vladimir Khokhryakov<sup>4</sup>

<sup>1-3</sup> Academy of DNA Genealogy

Russia, 127591, Moscow, st. Dubninskaya, house 26, building 1

e-mail: info@dna-academy.ru

<sup>4</sup> National Park «Smolenskoe Poozerie»

Russia, 216270, Smolensk region, Przhevalskoe village, st. Gurevich, 19

e-mail: khokhryakov@yandex.ru

## ABSTRACT

An analysis of Y-chromosome has been undertaken for the bone sample found in Smolensk region of Russia. It belongs to an individual from the East Slav Krivichi tribe, being dated to 9th - beginning of the 10th century CE. It is the oldest authentic Slav sample of DNA known to date. It has been assigned to R1a-YP569 subclade which is widespread among the modern population of the Volga-Oka interfluvium. This result is in accordance with archeological and dialectological data concerning the dominant role of the Krivichi tribe in populating this region by Slavs. Summarizing the current data, one can assume the Smolensk Lakeland as an important center of the East Slav settlements. The eastward routes of its inhabitants can be now traced by DNA-genealogy methods.

**KEYWORDS:** YDNA, Krivichi, East Slavs, R1a-YP569, Smolensk Lakeland.

## БАЗОВЫЕ ПРИНЦИПЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Настоящее исследование выполнено в соответствии с методологическими принципами ДНК-генеалогии, в основе которой лежит исследование мутаций в Y-хро-

мосоме как групп людей, так и отдельных индивидуумов. В данном случае под мутацией подразумевается любое изменение в генетическом коде живого организма, которое в подавляющем числе случаев происходит

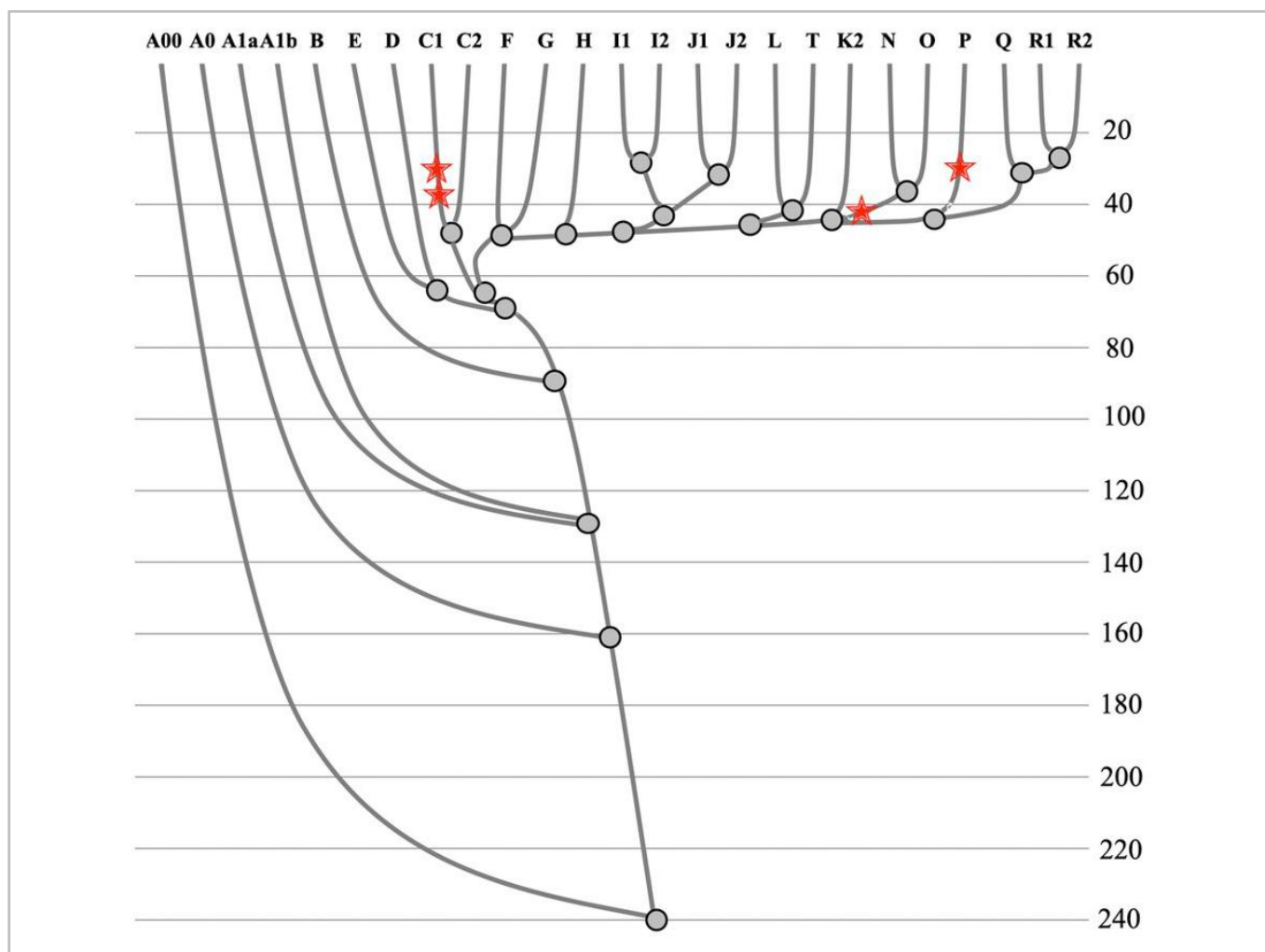


Рис. 1. Генеалогическое древо Y-хромосомных гаплогрупп ныне живущих людей. Звездочками слева направо помечены позиции, занимаемые на древе людьми эпохи палеолита из Владимирской (Сунгирь), Воронежской (Костенки) и Омской (Усть-Ишим) областей и Якутии (Усть-Яна), у которых была расшифрована ископаемая ДНК. Шкала времён дана в тысячах лет до настоящего времени.

без какого-либо внешнего воздействия и никак не отражается на жизнедеятельности. Согласно последним данным, в Y-хромосоме человека в среднем самопроизвольно происходит одна мутация в 20 лет. Как правило, это «опечатка» в главной части хромосомы – очень длинной молекуле ДНК, которая состоит из примерно 59 миллионов структурных блоков (нуклеотидов), обозначаемых для краткости буквами А, С, G и Т. Такие мутации, что закрепляются на тысячи и даже миллионы лет, называют сокращенно снипами, от английской аббревиатуры SNP (single nucleotide polymorphism).

Неоднократно отмечалось, что аналогом снипа можно считать кольцо, которое орнитологи надевают на лапку птице. Куда бы она ни полетела, кольцо всегда остается с ней, но никак не сказывается на ее поведении, здоровье или плодовитости. В настоящее время в Y-хромосоме идентифицировано несколько сотен тысяч снипов, и их число постоянно нарастает по мере поступления новых образцов для анализа. Каждый снип регистрируется в специализированных базах данных.

Помимо этого, ДНК-генеалогическая методология базируется на работе с гаплогруппами. Данное наименование само по себе указывает на связь с понятием гаплоидных, то есть половых клеток, со слияния ядер

которых начинается рождение потомства и обмен генетическим материалом. Однако этот обмен не затрагивает Y-хромосому, которая задает мужской пол ребенка и передается от отца. Отсюда следует, что все снипы, накопившиеся в Y-хромосоме по мужской линии за много поколений, остаются у новорожденного мальчика неизменными, и к ним добавляются его собственные. Это позволяет, в идеале, проследить по ним, как по архивным записям, родословную по прямой мужской линии на какое угодно время назад.

При массовом тестировании людей из разных стран мира выяснилось, что их можно поделить на большие группы, представители которых имеют один и тот же набор снипов в Y-хромосоме. Их назвали гаплогруппами, и ввели для них буквенные обозначения, которые при необходимости снабжают добавочными численными и буквенными индексами.

Филогенетическое древо гаплогрупп наиболее последовательно выстраивают коллеги из исследовательской группы YFull<sup>1</sup>. На основании их данных нами было рассчитано генеалогическое древо известных на сегодняшний день гаплогрупп, которое в упрощенной форме приведено на рис.1.

1 <https://www.yfull.com/tree/> (дата обращения – 18.06.2020).

Другим результатом массового ДНК-генеалогического тестирования оказалось то, что гаплогруппы неравномерно распределены по разным странам и народам. Если сопоставить географическое распространение разных гаплогрупп с временами, когда они начали расходиться от общего корня, то это дает возможность использовать эти данные в качестве независимого критерия для оценки существующих гипотез о древних миграциях, процессах формирования тех или иных народов, распространения языков, технологических достижений и т.д.

Обозначения в виде комбинации букв и цифр отмечают ветви, дочерние к соответствующей «однобуквенной» гаплогруппе – так называемые субклады (от sub-clade, буквально – подветвь). Самые крупные из них (например, R1a) также часто называют гаплогруппами, хотя это не совсем точно с формальной точки зрения.

Наконец, важным инструментом ДНК-генеалогии является работа с гаплотипом – последовательностью нуклеотидов в Y-хромосоме. На сегодняшний день в Y-хромосоме найдено более 700 фрагментов, носящих название коротких tandemных повторов, или сокращенно STR (short tandem repeats). По аналогии со словом «сним» их в русской терминологии предложено называть стирами. Их выделение и анализ технически осуществить намного проще и дешевле, чем делать поиск всех возможных сний среди 59 миллионов нуклеотидов.

Как оказалось, в стирах тоже происходят мутации, но другого рода, чем снии. Время от времени при копировании ДНК фермент «сбивается со счета» и вставляет лишний блок в повторяющийся сегмент или, наоборот, воспроизводит его на один блок короче. Эти мутации случаются, как правило, чаще, чем снии, и независимо друг от друга в разных сегментах. По законам комбинаторики, при достаточно большом наборе стиров для каждого человека можно получить своего рода индивидуальный «штрих-код», который присущ только ему и его родственникам.

Это свойство еще в 1990-е годы привлекло внимание экспертов-криминалистов, отобравших наиболее подходящие для своих задач повторяющиеся сегменты, которые стали называть маркерами. Каждый маркер получил свое обозначение вроде DYS392 или DYS438.

Наиболее ценное для ДНК-генеалогии свойство гаплотипов – это возможность выявить среди них родственные группы и рассчитать время, когда жил общий предок той или иной из них. Точность метода в лучших примерах достигает  $\pm 10\%$  в шкале времен от 200 до 5000 лет, что подтверждена, в частности, данными по документальной генеалогии и датировками исторических событий. Существует большой набор компьютерных программ, которые позволяют строить деревья гаплотипов, делить их на ветви, рассчитывать датировки и реконструировать вероятный гаплотип предка, который носит название базового гаплотипа ветви.

### АРХЕОЛОГИЧЕСКИЙ КОНТЕКСТ

Для ДНК-генеалогического исследования был получен образец из захоронения в курганной группе № I, расположенной в посёлке Пржевальское Демидовского района Смоленской области. В целом здесь име-

ются три курганные группы (в общей сложности более ста курганов), которые были выделены археологом Е.А. Шмидтом в зависимости от месторасположения. Группы находятся на удалении примерно 250 м друг от друга (Шмидт 1982: 53).

Курганы группы № I находятся на юго-восточной окраине посёлка Пржевальское, на берегу озера Сапшо, несколько западнее выхода из него реки Ельши. Они расположены компактно в сосновом лесу с густым кустарниковым подлеском. Южнее их находится озеро Сапшо, севернее и западнее постройки и огороды жителей посёлка, восточнее – поселковое кладбище (частично расположено на курганной группе). Всего к этой группе относится 42 кургана. В большинстве случаев они имеют в плане округлую форму при диаметре от 5 до 17 метров и высоту – от 0,4 до 3,6 метров. Лишь 17 курганов хорошо сохранились, остальные либо разрыты, либо повреждены ямами, окопами и блиндажами времён Великой Отечественной войны.

В основном курганы этой группы содержат погребения остатков кремации, часть которых не содержала инвентаря, в некоторых были ингумации с находками вещей: бронзовые спиральки, подвески, плоские серповидные височные кольца, спиральные браслеты и т.д., то есть предметы, характерные для смоленских длинных курганов позднего периода. Памятники изучались М.Ф. Кусцинским и В.И. Сизовым в 1880-х годах и И.С. Абрамовым в 1905 году (Сведения 1899: 340; Спицын 1906: 196-197).

Поблизости, на севере озера Сапшо и на востоке у истока р. Ельша находится селище площадью около 0,7 га. Оно занимало мыс берега и, большей частью, территорию современного кладбища, являясь поселением тушемлинской археологической культуры IV-VII вв. Тушемлинская культура непосредственно предшествовала расселению кривичей на этой территории.

Данная курганная группа относится к древнерусскому времени и датируется IX – началом X вв. Одним из датирующих признаков являются несколько обнаруженных в захоронениях арабских дирхем, чеканенных с 905 г. по 997 г. Имеющиеся курганы – типичные курганы кривичей (Шмидт 1982: 53).

ДНК-генеалогическое исследование ископаемого образца выполнялось на основании Соглашения о научном сотрудничестве между Ассоциацией исследователей, содействующей развитию ДНК-генеалогии «Академия ДНК-генеалогии» и ФГБУ Национальный парк «Смоленское Поозерье», которое правомочно распоряжаться образцом, поручать проводить исследовательские работы с этим образцом и предоставляет описание (паспортизацию) образца. Образцу присвоен номер KC2020-001.

### ЭТАПЫ ИССЛЕДОВАНИЯ И РЕЗУЛЬТАТЫ

Исследуемый образец из кургана кривичей представляет собой зуб – данное костное образование одно из наиболее подходящих для ДНК-анализа.

Были последовательно выполнены следующие этапы исследования<sup>2</sup>:

– подготовка оборудования и инструментов;

2 Отчёт по исследованию археологической ДНК к Техническому заданию № 1806 от 18 июня 2020 г.



В результате NGS-исследования Y-хромосомы с обогащением целевых локусов праймерной панелью «Precision ID Identity Panel» (TFS) были получены следующие данные:

| Образец    | Гаплогруппа                                      |
|------------|--------------------------------------------------|
| KC2020-001 | R1a (L62)<br>R1a1 (Page65.2)<br>R1a1a1b1a (S198) |

### ДНК-ГЕНЕАЛОГИЧЕСКАЯ ИНТЕРПРЕТАЦИЯ РЕЗУЛЬТАТОВ

Исследуемый образец KC2020-001 относится к крупному субкладу R1a-Z283 (филоэквивалент R1a-S198). Как известно, гаплогруппа R1a расходится на несколько основных ветвей, каждая со своей историей и этническим составом. В ходе ДНК-генеалогической интерпретации была предпринята попытка определить «глубокий» субклад, к которому относится полученный 27-маркерный гаплотип.

Для этого были выбраны все имеющиеся гаплотипы гаплогруппы R1a из базы данных IRAKAZ, к ним добавлен гаплотип KC2020-001 и построено ДНК-генеалогическое древо с помощью профессиональной компьютерной программы (PHYLIP). Важно отметить, что сравнение проводилось по 17 локусам из 18-ти определённых. Маркер DYS518 пришлось исключить из рассмотрения, так как он не входит в стандартную панель коммерческого тестирования, а именно при коммерческом тестировании получают наиболее достоверные результаты, включая протяженные гаплотипы и прямое определение «глубоких» сипов.

Целью компьютерной обработки было выяснить, в окружении каких гаплотипов и из каких субкладов окажется исследуемый гаплотип KC2020-001. Полученное ДНК-генеалогическое древо приведено ниже.

Исследуемый гаплотип попал в ветвь R1a-Z280, одну из основных ДНК-генеалогических линий на Русской равнине. Каждый луч на дереве – это гаплотип, чем длиннее луч, тем гаплотип более мутирован, тем

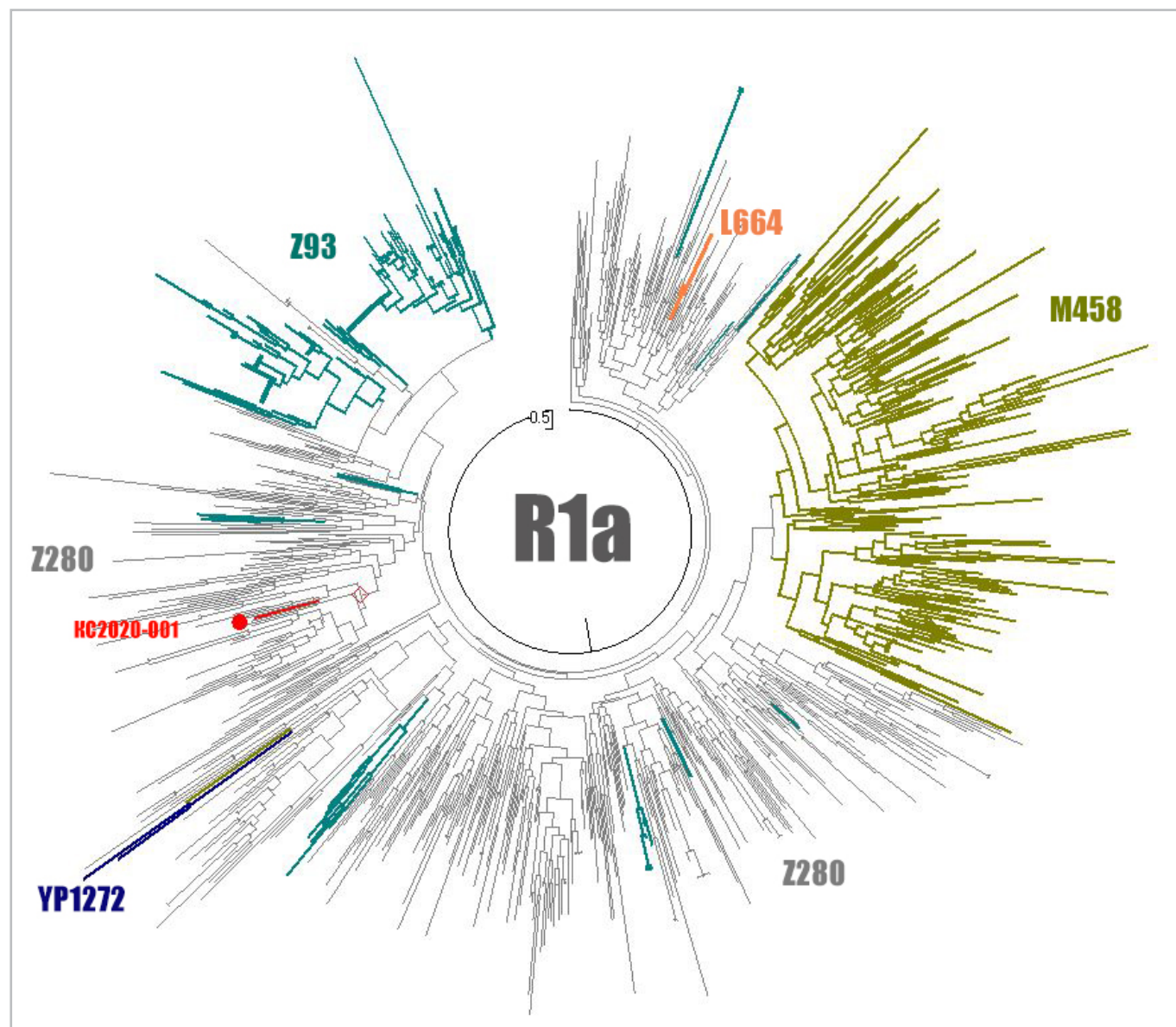


Рис. 4. ДНК-генеалогическое древо гаплотипов R1a.

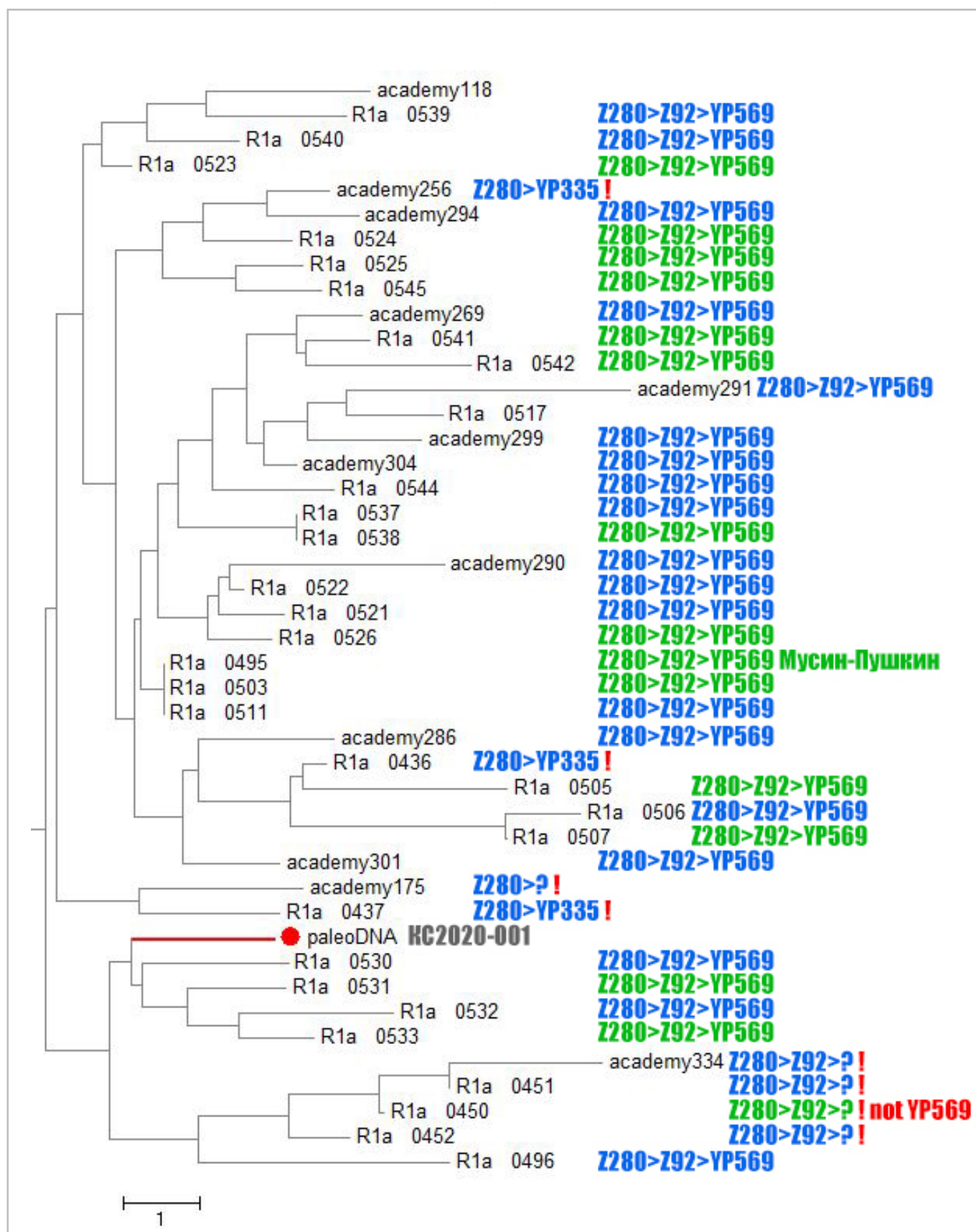


Рис. 5. ДНК-генеалогическое древо гаплотипов R1a.

он старше. Увеличим фрагмент дерева, содержащий гаплотип KC2020-001, и проанализируем его окружение.

На основе анализа 17-маркерных гаплотипов не всегда удастся далеко продвинуться в определении «глубо-

кого» субклада. Приходится проводить анализ в каждом конкретном случае, в первую очередь, обращая внимание на однородность ветви, полученной при компьютерной обработке. В данном случае из приведенного

фрагмента можно заключить, что исследуемый гаплотип с высокой вероятностью относится к ветви R1a-YP569. Вкрапления гаплотипов из других субкладов минимальны, что показывает однородность субклада YP569.

Датировки ДНК-генеалогических ветвей, рассчитанные по снипам и по стирам, могут различаться из-за прохождения ветвью «бутылочного горлышка выживания», когда род находился на грани исчезновения.

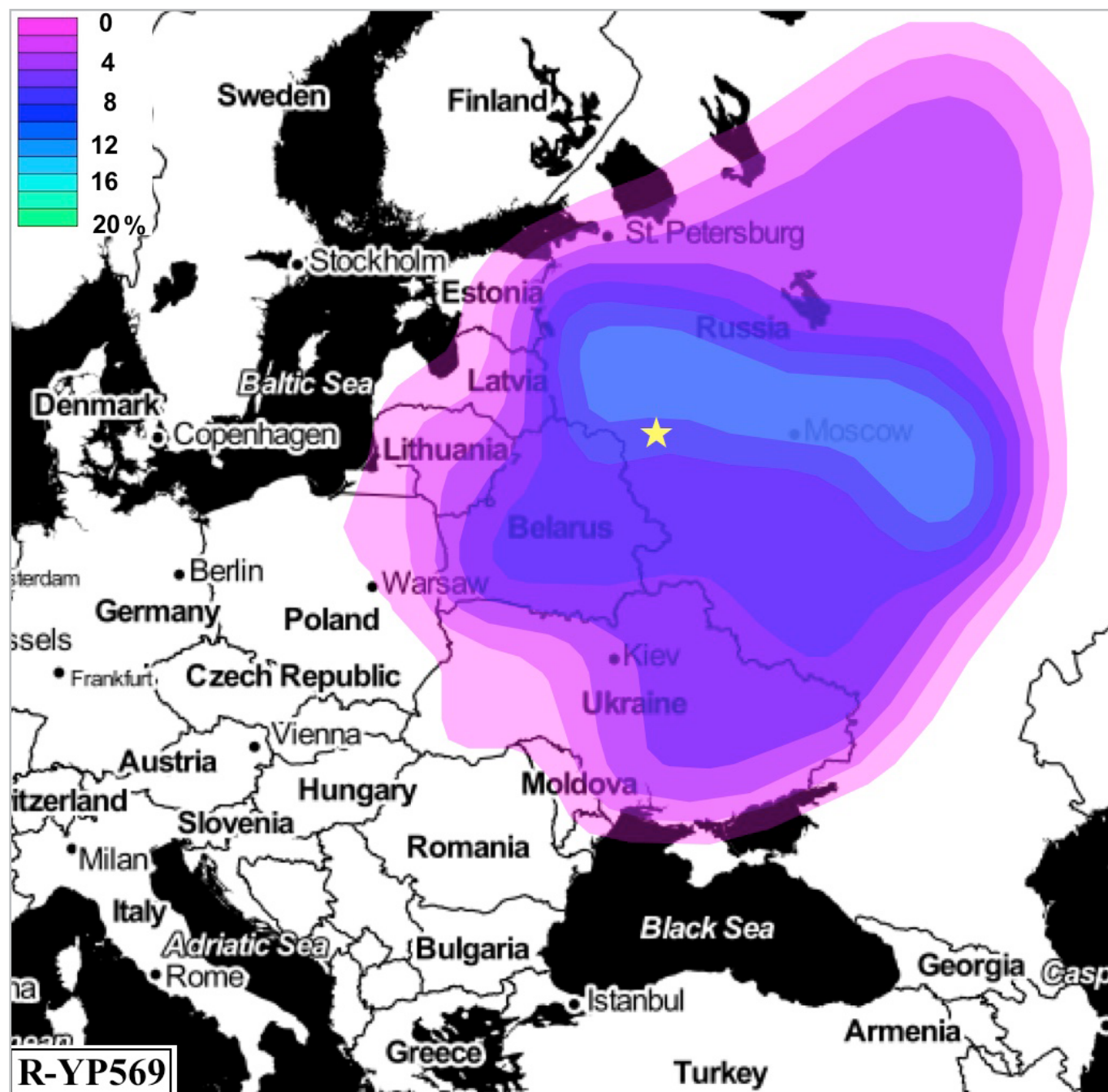


Рис. 6. Доля носителей ветви R1a-YP569 от общего мужского населения исторической славянской территории. Звездочкой отмечено место находки образца KC2020-001. При построении карты использовался алгоритм сглаживания, во избежание неоправданной детализации, не соответствующей уровню статистической достоверности.

При расчете по 250 гаплотипам в 37-маркерном формате датировка общего предка этих гаплотипов субклада YP569 составляет  $2300 \pm 250$  лет. Согласно расчетам коллег из коллектива YFull по геномным данным (снипам), возраст субклада составляет  $3300 \pm 800$  лет. Мы видим, что субклад пошел в рост лишь спустя тысячелетие после образования. В настоящее время на сайте YFull постоянно обновляется актуальное дерево снипов.<sup>3</sup>

<sup>3</sup> <https://yfull.com/tree/R-YP569/> (дата обращения – 18.06.2020).

В результате ДНК-генеалогической интерпретации, с высокой долей вероятности, установлена последовательная цепочка снипов, характерная для гаплотипа кривича KC2020-001:

**R1a-M459 > M198 > M417 > Z645 > Z283 > Z282 > Z280 > Z92 > Y4459 > YP617 > YP573 > YP569**

Красным цветом выделен снип, который был определен прямым NGS-исследованием Y-хромосомы.

Согласно данным из баз ДНК, ветвь R1a-YP569 является одной из самых больших по численности европейских линий гаплогруппы R1a данного иерархического уровня. По оценке, она насчитывает 15-18 миллионов носителей, абсолютное большинство которых приходится на восточных славян (Рожанский 2018: 60-80). Представление о ее современном географическом распределении на исторической славянской территории можно получить из карты, составленной по материалам ДНК-проектов народов Восточной Европы.

Исследованная группа курганов IX – начала X вв. находится в западной части ареала, где доля современных носителей ветви R1a-YP569 достигает максимума в 10-12% от всего мужского населения.

По археологическим и диалектологическим данным, наибольший вклад в заселение верховьев рек бассейна Западной Двины и Волго-Окского междуречья на раннем этапе внесли выходцы из племенного союза кривичей, о происхождении которого существует несколько разноречивых гипотез (обзор см.: Седов 1982: 46-58; Жих 2015: 31-52). Принадлежность ископаемого образца KC2020-001 к наиболее распространенной в данном регионе генеалогической линии можно считать косвенным доводом в пользу кривичей, как наиболее значительного из группы славянских племен, продвигавшихся от бассейна Западной Двины через водоразделы к верхнему течению Волги и ее притоков далее на восток.

Именно на территории современного национального парка «Смоленское Поозерье», где обнаружен образец KC2020-001, некогда существовала волость «Вержавлян великих» со столицей городом Вержавском (Седов 1961: 317-326). Данная волость целиком охватывала волоки, соединявшие бассейны Западной Двины, Днепра и Волги. Здесь проходили торговые пути «из варяг в греки» и «из варяг в персы». Такое выгодное географическое положение способствовало усилению племенного союза кривичей.

В отличие от других славянских супер-ветвей современный ареал ветви R1a-YP569 почти не захватыва-

ет территории западных и южных славян, но заходит в Литву, где носителями ветви является 4-8% этнических литовцев, с учетом статистической погрешности. Очевидно, возникновение и начальная стадия роста ветви R1a-YP569 проходили в среде коренного населения восточно-балтийского региона, что согласуется с современной географией других, не столь больших по численности ветвей родительского субклада R1a-Z92. На одном из этапов люди из этой ветви влились в состав кривичей, где образовали одну из наиболее демографически успешных линий, что впоследствии охватило и другие группы восточных славян. Если в будущем появятся новые находки образцов из ветви R1a-YP569 с более ранними датировками, то это даст возможность выявить еще неизвестные детали возникновения племени кривичей и восточных славян в целом.

## ВЫВОДЫ

Был проведен анализ Y-ДНК костного образца из захоронения восточнославянского племени кривичей IX – начала X вв. в Смоленской области, что является на сегодняшний день самым ранним из всех известных образцов, надежно принадлежащих славянам. Определенная у него ветвь R1a-YP569 является наиболее характерной для современных уроженцев Волго-Окского междуречья, что согласуется с выводами археологии и диалектологии о роли кривичей в освоении этого региона. По сумме косвенных данных Смоленское Поозерье в раннем средневековье было одним из важнейших центров расселения восточных славян, а маршруты его обитателей сейчас можно проследить методами ДНК-генеалогии.

Авторский коллектив выражает благодарность профессору А.А. Клёсову за ценные советы, членам Академии ДНК-генеалогии Вотрину Д.В., Городецкому Д.В., Жабрееву М.В., Карамышеву В.Ю., Рыльщику И.В., Самусеву Д.Н., Шкирову В.А., Цыбулькину В.Н. за содействие и особенно Попову Б.И. за деятельное организационное участие в проекте.

## ЛИТЕРАТУРА

**Жих 2015** - Жих М.И. О соотношении летописных «кривичей» и «полочан» // Исторический формат. 2015. № 1. С. 31-52.

**Рожанский 2018** - Рожанский И.Л. Славянские супер-ветви: Y-ДНК как маркер ранних миграций славян // Исторический формат. 2018. № 1-2. С. 60-80.

**Сведения 1899** - Сведения 1873 года о городищах и курганах. Смоленская губерния // Записки Русского археологического общества. Т. II. Вып. 1-2. СПб., 1899.

**Седов 1961** - Седов В.В. К исторической географии Смоленской земли // Материалы по изучению Смоленской области. Вып. 4. Смоленск, 1961. С. 317-326.

**Седов 1982** - Седов В.В. Восточные славяне в VI-XIII вв. М., 1982.

**Спицын 1906** - Спицын А.А. Отчёт о раскопках, произведённых в 1905 году И.С. Абрамовым в Смоленской губернии // Записки Отделения русской и славянской археологии Русского археологического общества. Т. 8. Вып. I. СПб., 1906.

**Шмидт 1982** - Шмидт Е.А. Древнерусские археологические памятники Смоленской области. Ч. I. М., 1982.

## REFERENCES

- Rozhanskij 2018 - Rozhanskij I.L. Slavyanskije super-vetvi: Y-DNK kak marker rannih migracij slavyan [Slav Super-Branched: Y-DNA as a Probe of early Slav Migrations], in: Istoricheskij format [Historical format], 2018, № 1-2, pp. 60-80 [in Russian].
- Sedov 1961 - Sedov V.V. K istoricheskoj geografii Smolenskoj zemli [To the historical geography of the Smolensk land], in: Materialy po izucheniyu Smolenskoj oblasti. Vyp. 4 [Materials for the study of the Smolensk region. Issue 4], Smolensk, 1961, pp. 317-326 [in Russian].
- Sedov 1982 - Sedov V.V. Vostochnye slavyane v VI-XIII vv. [Eastern Slavs in the VI-XIII centuries], Moscow, 1982 [in Russian].
- SHmidt 1982 - SHmidt E.A. Drevnerusskie arheologicheskie pamyatniki Smolenskoj oblasti. CH. I [Old Russian archaeological sites of the Smolensk region. Part I], Moscow, 1982 [in Russian].
- Spicyn 1906 - Spicyn A.A. Otchyot o raskopkah, proizvedyonykh v 1905 godu I.S. Abramovym v Smolenskoj gubernii [Report on the excavations carried out in 1905 by I.S. Abramov in the Smolensk province], in: Zapiski Otdeleniya russkoj i slavyanskoj arheologii Russkogo arheologicheskogo obshchestva. T. 8. Vyp. I [Notes of the Department of Russian and Slavic Archeology of the Russian Archaeological Society. Volume 8. Issue I], St. Petersburg, 1906 [in Russian].
- Svedeniya 1899 - Svedeniya 1873 goda o gorodishchah i kurganah. Smolenskaya guberniya [Information from 1873 about settlements and mounds. Smolensk province], in: Zapiski Russkogo arheologicheskogo obshchestva. T. II. Vyp. 1-2 [Notes of the Russian Archaeological Society. Volume II. Issue 1-2], St. Petersburg, 1899 [in Russian].
- ZHih 2015 - ZHih M.I. O sootnoshenii letopisnykh «krivichej» i «polochan» [Relations between Krivichians and Polochans from annalistic chronicles], in: Istoricheskij format [Historical format], 2015, № 1, pp. 31-52 [in Russian].

### Меркулов Всеволод Игоревич

– Кандидат исторических наук, Академия ДНК-генеалогии (Москва, Россия).

### Vsevolod Merkulov

– Candidate of Historical Sciences, Academy of DNA Genealogy (Moscow, Russia).

[info@dna-academy.ru](mailto:info@dna-academy.ru)

### Пайор Евгений Викторович

– Академия ДНК-генеалогии (Ярославль, Россия).

### Evgeny Payor

– Academy of DNA Genealogy (Yaroslavl, Russia).

[info@dna-academy.ru](mailto:info@dna-academy.ru)

### Рожанский Игорь Львович

– Кандидат химических наук, Академия ДНК-генеалогии (Цукуба, Япония).

### Igor Rozhansky

– PhD in Chemistry, Academy of DNA Genealogy (Tsukuba, Japan).

[info@dna-academy.ru](mailto:info@dna-academy.ru)

### Хохряков Владимир Рафаэлевич

– Кандидат биологических наук, ФГБУ Национальный парк «Смоленское Поозерье» (Смоленск, Россия).

### Vladimir Khokhryakov

– Candidate of Biological Sciences, National Park «Smolenskoe Poozerie» (Smolensk, Russia).

[khokhryakov@yandex.ru](mailto:khokhryakov@yandex.ru)