

УДК 575.174:599.9

## СТРУКТУРА ГЕНОФОНДА РУССКОГО НАСЕЛЕНИЯ ЕВРОПЕЙСКОЙ ЧАСТИ РОССИИ ПО ДАННЫМ О РАСПРЕДЕЛЕНИИ ГАПЛОГРУПП Y-ХРОМОСОМЫ

© 2008 г. Б. А. Малярчук, М. В. Деренко

*Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения Российской академии наук,  
Магадан 685000; e-mail: malyarchuk@ibpn.ru*

Поступила в редакцию 08.11.2006 г.

С целью выявления популяционной структуры русского населения европейской части России проанализировано распределение 23 SNP-маркеров Y-хромосомы в популяциях русского населения Калужской, Ярославской, Владимирской, Нижегородской, Псковской, Тульской, Орловской, Белгородской и Новгородской областей. Всего обнаружено 14 гаплогрупп Y-хромосомы (E, F\*, I, J, K\*, N3a, N2, P\*, R1\*, R1a1, C3, G, H и A), из которых наиболее распространенными в популяциях являются гаплогруппы R1a1, I и N3a. Анализ Ф-статистик в популяциях, сгруппированных в соответствии с диалектным членением русского языка, показал отсутствие достоверных различий между группами русского населения. С помощью анализа распределения маркеров Y-хромосомы у русского населения (10 популяций) в сравнении с населением Германии (11 популяций) и Польши (8 популяций) выявлены достоверные различия между генофондами славян (русских и поляков) и германцев (немцев).

Исследования изменчивости нерекombинирующей части Y-хромосомы в популяциях человека стали очень актуальными в последние годы в связи с исследованиями в области эволюционной и популяционной генетики, а также судебной медицины и криминалистики [1]. Во многом это обусловлено различной скоростью эволюции двух основных типов маркеров Y-хромосомы – SNP-локусов, характеризующихся однонуклеотидными заменами, которые накапливаются в процессе эволюции с низкой скоростью, и STR-локусов, полиморфизм которых обусловлен крайне высокой нестабильностью микросателлитных последовательностей ДНК [2]. Применение комбинации этих двух подходов для выявления изменчивости Y-хромосомы является в настоящее время наиболее эффективным средством как для изучения эволюции Y-хромосом, реконструкции древнейшей генетической истории человека и датирования ее главных эпизодов, так и для изучения относительно недавней межпопуляционной дифференциации.

Исследования изменчивости Y-хромосомы в популяциях русского населения Восточной Европы показали, что генофонд русских характеризуется набором линий ДНК, относящихся к группам Y-хромосомы, которые характерны для многих популяций северной и восточной частей Европы [3–9]. Результаты исследований показали, что лишь некоторые русские популяции (псковская и поморская) демонстрируют выраженное сходство с финно-угорскими и балтскими популяциями Северной и Восточной Европы, однако подав-

ляющее большинство русских популяций кластеризуется со славянскими популяциями (поляками, украинцами, белорусами) [6]. Это обусловлено особенностями генетических структур изученных популяций: большинство русских популяций, подобно украинцам и белорусам, характеризуется высокой частотой группы R1a1 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 R1a1. Несмотря на то, что межпопуляционная дифференциация русских популяций Восточной Европы (на основании данных о полиморфизме 12 биаллельных локусов Y-хромосомы [6]) уже в целом охарактеризована, расширение спектров SNP-маркеров и вовлеченных в анализ популяций представляется необходимым для дальнейшей популяционно-генетической характеристики русского населения. В настоящей работе нами приводятся данные о распределении гаплогрупп Y-хромосомы, выявленных на основании результатов анализа полиморфизма 23 SNP-локусов, в десяти популяциях русского населения европейской части России.

### МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Исследовано распределение групп Y-хромосомы в популяциях русского населения Калужской, Ярославской, Владимирской, Нижегородской, Псковской, Тульской, Орловской, Белгородской и Новгородской областей. Суммарный размер

**Таблица 1.** Распространенность гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях русского населения европейской части России

Популяция	<i>n</i>	E	F*	I	J	K*	N3a	N2	P*	R1*	R1a1	C3	G	H	A
Нижний Новгород	58	5 (8.6)	2 (3.4)	11 (19.0)	0	0	8 (13.8)	0	5 (8.6)	6 (10.3)	21 (36.2)	0	0	0	0
Калуга	42	2 (4.8)	3 (7.1)	8 (19.0)	0	1 (2.4)	2 (4.8)	0	0	4 (9.5)	21 (50.0)	0	0	0	1 (2.4)
Тула	43	1 (2.3)	2 (4.7)	8 (18.6)	0	0	5 (11.6)	0	0	3 (7.0)	22 (51.2)	0	1 (2.3)	1 (2.3)	0
Волот	40	2 (5.0)	0	6 (15.0)	0	1 (2.5)	6 (15.0)	0	0	2 (5.0)	20 (50.0)	0	0	3 (7.5)	0
Великий Новгород	37	3 (8.1)	0	4 (10.8)	0	0	5 (13.5)	0	1 (2.7)	3 (8.1)	20 (54.1)	0	1 (2.7)	0	0
Орел	36	0	1 (2.8)	4 (11.1)	0	0	7 (19.4)	0	1 (2.8)	4 (11.1)	19 (52.8)	0	0	0	0
Белгород	44	3 (6.8)	0	8 (18.2)	6 (13.6)	2 (4.5)	3 (6.8)	0	0	1 (2.3)	20 (45.5)	1 (2.3)	0	0	0
Владимир	51	1 (2.0)	0	9 (17.6)	0	0	6 (11.8)	1 (2.0)	0	3 (5.9)	29 (56.9)	0	2 (3.9)	0	0
Ярославль	23	0	0	1 (4.3)	0	3 (13.0)	2 (8.7)	0	2 (8.7)	1 (4.3)	14 (60.9)	0	0	0	0
Псков	40	3 (7.5)	0	7 (17.5)	0	0	14 (35.0)	0	0	1 (2.5)	14 (35.0)	0	1 (2.5)	0	0
Русские (в целом)	414	20 (4.8)	8 (1.9)	66 (15.9)	6 (1.4)	7 (1.7)	58 (14.0)	1 (0.2)	9 (2.2)	28 (6.8)	200 (48.3)	1 (0.2)	5 (1.2)	4 (1.0)	1 (0.2)

проанализированных в работе выборок составил 414 неродственных индивидуумов мужского пола.

В популяциях Новгородской области (две выборки – г. Великий Новгород и с. Волот) проанализировано распределение 23 маркеров Y-хромосомы: M173, M17, SRY-10831, RPS4Y, M217, M8, M38, SRY-8299, M89, 12f2, M9, M207, M168, M20, 92R7, Tat, LLY22g, M178, P43, M170, M52, M201 и инсерцией *Alu*-элемента (YAP в локусе DYS287), определяющих структуру генофондов населения Северной Евразии [10, 11]. В популяциях Калужской, Ярославской, Владимирской, Нижегородской, Псковской, Тульской, Орловской и Белгородской областей исследован полиморфизм 12 локусов (M8, M17, M38, P43, M52, M168, M170, M173, M178, M201, M207, M217), так как остальные локусы в этих популяциях были проанализированы нами ранее [6]. Полиморфизм определяли в соответствии со схемами анализа, предложенными в работах [3, 7, 11–17], с помощью электрофореза ДНК в 8%-ных полиакриламидных гелях.

Для оценки степени генетической дифференциации популяций использовали анализ Ф-статисти-

стик (AMOVA, пакет программ Arlequin 3.0 [18]). Для анализа степени подразделенности популяционных систем использовали Ф-статистики, оценивающие генетические различия между группами популяций ( $\Phi_{CT}$ ), между популяциями внутри групп ( $\Phi_{SC}$ ) и общую генетическую дифференциацию ( $\Phi_{ST}$ ) [18]. Достоверность различий значений Ф-статистик при попарных сравнениях популяций тестировали с помощью непараметрического пермутационного подхода (10 100 пермутаций) [18]. Матрицы значений попарных межпопуляционных  $\Phi_{ST}$ -дистанций использовали для анализа пространственного расположения популяций с помощью метода многомерного шкалирования (пакет программ STATISTICA/w 5.0). Для сравнительного анализа использовали данные о распределении частот гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях Германии и Польши [19].

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

С помощью анализа 23 маркеров Y-хромосомы в 10 популяциях русского населения европейской части России нами обнаружено 14 гаплогрупп

**Таблица 2.** Межпопуляционная дифференциация русского населения европейской части России, основанная на значениях  $\Phi_{ST}$ -дистанций

Популяция	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. Калуга									
2. Ярославль	0.016								
3. Владимир	-0.003	0.007							
4. Нижний Новгород	0.006	0.044*	0.024						
5. Псков	0.062*	0.090*	0.053*	0.018					
6. Тула	-0.016	0.012	-0.017	0.005	0.036*				
7. Орел	0.001	0.001	-0.008	0.009	0.026	-0.013			
8. Белгород	0.002	0.025	0.009	0.012	0.049*	0.000	0.017		
9. Великий Новгород	-0.005	-0.005	-0.014	0.007	0.037	-0.015	-0.018	0.005	
10. Волот	-0.004	0.006	-0.016	0.005	0.021	-0.019	-0.013	-0.002	-0.020

Примечание. Звездочками указаны достоверные ( $P < 0.05$ ) межпопуляционные различия.

групп Y-хромосомы: E, F\*, I, J, K\*, N3a, N2, P\*, R1\*, R1a1, C3, G, H и A (табл. 1). Из них наиболее распространенными во всех изученных популяциях являются гаплогруппы R1a1, I и N3a. Их суммарная частота составила у русских в среднем 78.2%. Близкие значения частот этих трех гаплогрупп зарегистрированы ранее в генофондах и других восточнославянских народов – у белорусов и восточных украинцев [8].

Результаты анализа межпопуляционной дифференциации AMOVA (табл. 2) свидетельствуют в целом о низкой степени межпопуляционной дифференциации русских популяций по линиям Y-хромосомы. Лишь псковская популяция достоверно отличается в структурном отношении от ряда популяций русского населения (Калужской, Ярославской, Владимирской, Белгородской, Тульской областей) (табл. 2). Анализ межпопуляционных различий, выполненный с помощью точного теста, также указывает на отличия ( $P < 0.05$ ) псковской и нижегородской популяций от остальных популяций русского населения. Судя по картине распределения частот гаплогрупп Y-хромосомы в разных популяциях русского населения, эти различия обусловлены главным образом пониженной частотой гаплогруппы R1a1 (примерно до 35%) в псковской и нижегородской выборках (табл. 1). Выборка населения Псковской области характеризуется также повышенной (до 35%) в сравнении с остальными изученными русскими популяциями частотой гаплогруппы N3a, что и определяет, по всей видимости, генетическое своеобразие псковской популяции (табл. 1). Следует отметить также, что новгородские популя-

ции (г. Великий Новгород и с. Волот), несмотря на их географическую близость к псковской популяции, удалены от последней в большей степени (значения  $\Phi_{ST}$  составили 3.7 и 2.1% соответственно), чем от остальных русских популяций (табл. 2). К аналогичному выводу относительно генетического положения новгородской популяции пришли и Хрунин с соавт. [20], показавшие с помощью анализа полиморфизма пяти микросателлитных локусов Y-хромосомы близость русских Новгородской области к русским Курской области, украинцам и белорусам и удаленность всех этих популяций от русских Архангельской области, которые характеризуются генетическим сходством с финно-угорскими народами (финнами и саамами).

Исследования межпопуляционной дифференциации линий Y-хромосомы у различных народов мира только начинают развиваться. Недавно были опубликованы результаты подобного анализа в немецких и польских популяциях [19]. Это исследование показало существование высокого уровня генетических различий между соседними народами ( $\Phi_{ST} = 14.2\%$ ), обусловленных главным образом низкой частотой у немцев некоторых групп Y-хромосомы (например, R1a1 и I1b), которые характерны для славянских народов. Проведенный нами сравнительный анализ распределения частот основных групп Y-хромосомы (P\*, R1\*, R1a1, I, E, F\*, N\*, N3, J, K\*) в немецких, польских и русских популяциях (на уровне трех групп популяций) показал существование высокого уровня межгрупповой дифференциации:  $\Phi_{ST} = 11.68\%$ ,  $\Phi_{ST} = 12.6\%$ ,  $\Phi_{SC} = 0.88\%$  (все различия достовер-

**Таблица 3.** Параметры разнообразия и межпопуляционной дифференциации у немцев, поляков и русских

Популяция	Количество популяций	$\Phi_{ST}$	$h$ (интервал значений)
Немцы	11	0.0143 ( $P = 0.00$ )	$0.745 \pm 0.025$ (0.65–0.79)
Поляки	8	0.003 ( $P = 0.13$ )	$0.629 \pm 0.044$ (0.56–0.72)
Русские	10	0.0093 ( $P = 0.07$ )	$0.703 \pm 0.061$ (0.62–0.80)

Примечание. Приводится среднее значение генетического разнообразия  $h$  и его ошибка согласно результатам AMOVA [18].

ны). Группы популяций различаются по степени межпопуляционной дифференциации – наиболее гомогенными являются поляки ( $\Phi_{ST} = 0.3\%$ ), наиболее разнообразными – немецкие популяции ( $\Phi_{ST} = 1.4\%$ ), а русские популяции занимают промежуточное положение ( $\Phi_{ST} = 0.9\%$ ) (табл. 3). Анализ межпопуляционных различий (значений  $\Phi_{ST}$ -дистанций и результатов их многомерного шкалирования) показал, что русские и польские популяции не дифференцируются друг от друга и кластеризуются отдельно от немецких популяций (табл. 4, рисунок).

В работе [19] было показано, что популяции восточной и западной частей Германии достоверно различаются по композиции групп Y-хромосомы ( $\Phi_{ST} = 1.2\%$ ,  $P = 0$ ), однако между популяциями восточной и западной частей Польши никаких генетических различий обнаружено не было ( $\Phi_{ST} = 0.09\%$ ,  $P = 0.22$ ). Для выявления возможных генетических различий между популяциями русского населения Восточной Европы нами проведен анализ  $\Phi$ -статистик в популяциях, сгруппированных в соответствии с диалектным членением русского языка на территории европейской части России, поскольку диалектным объединениям отводится большая роль в изучении внутриэтнической дифференциации русского народа [21]. Анализ показал, что, несмотря на более высокое значение межгрупповых различий при группировании популяций в соответствии с распределением говоров и наречий русского языка ( $\Phi_{CT} = 0.0032$ ,  $\Phi_{SC} = 0.0074$ ,  $\Phi_{ST} = 0.0106$ ) в сравнении с картой диалектных зон ( $\Phi_{CT} = -0.0022$ ,  $\Phi_{SC} = 0.0109$ ,  $\Phi_{ST} = 0.0087$ ), в обоих случаях межпопуляционные различия недостоверны ( $P > 0.07$ ) (табл. 5). Это свидетельствует, по всей видимости, об отсутствии генетических различий по распределению линий Y-хромосомы в группах русских популяций, выделяемых на основании данных лингвистики. Аналогичный вывод ( $P = 0.083$ ) следует и из результатов анализа дифференциации русских популяций, сгруппированных с учетом данных антропологии ( $\Phi_{CT} = -0.0053$ ,  $\Phi_{SC} = 0.0142$ ,  $\Phi_{ST} = 0.0089$ ) (табл. 5). В этом случае группирование популяций проводилось в соответствии с этнотерриториальным делением русского населе-

ния, основанным на идее об отражении антропологических характеристик летописных племен славян в этнотерриториальных группах современного русского населения [22]. Вынесение псковской популяции, резко контрастирующей на фоне остальных русских популяций (рисунок), в отдельную группу также не привело к увеличению степени генетической дифференциации ( $\Phi_{CT} = 0.0023$ ,  $\Phi_{SC} = 0.0073$ ,  $\Phi_{ST} = 0.0096$ ,  $P > 0.07$ ).

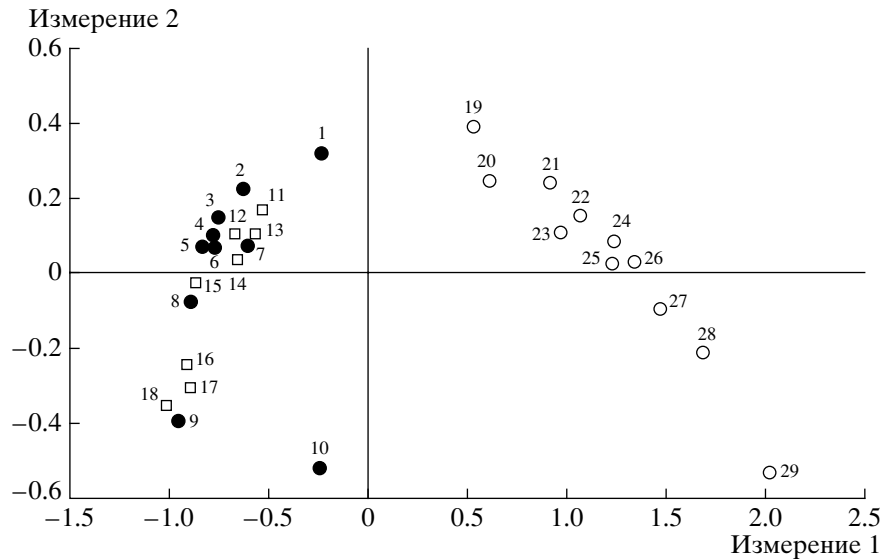
**Таблица 4.** Сравнительный анализ межпопуляционных  $\Phi_{ST}$ -дистанций в популяциях немцев, поляков и русских

Популяция	Интервалы значений межпопуляционных $\Phi_{ST}$ -дистанций		
	немцы	поляки	русские
Немцы	0–0.084	0.045–0.290	0.034–0.290
Поляки		0–0.018	0–0.132
Русские			0–0.090

**Таблица 5.** Генетические различия между русскими популяциями, сгруппированными в соответствии с данными лингвистики (I и II) и антропологии (III)

Группы популяций	Различия, %		
	между группами	между популяциями внутри групп	внутри популяций
I	0.32	0.74	98.94
II	-0.22	1.09	99.13
III	-0.53	1.42	99.11

Примечание. I – популяции сгруппированы по говорам и наречиям русского языка [21]: южное наречие (Белгород, Орел, Калуга, Тула), северное наречие (Ярославль), среднерусские говоры (Великий Новгород, Волот, Псков, Владимир, Нижний Новгород). II – популяции сгруппированы по диалектным зонам [21]: юго-западная зона (Белгород, Орел, Калуга, Тула), северо-западная зона (Великий Новгород, Волот, Псков), северо-восточная зона (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль). III – популяции сгруппированы в соответствии с данными антропологии [22]: предполагаемые потомки словен новгородских (Великий Новгород, Волот, Псков), кривичей (Владимир, Нижний Новгород, Ярославль), вятичей (Калуга, Тула), северян (Орел, Белгород).



Расположение русских, немецких и польских популяций в двухмерном пространстве по результатам многомерного шкалирования попарных межпопуляционных  $F_{ST}$ -дистанций, основанных на данных о распределении гаплогрупп Y-хромосомы в популяциях. Русские популяции (обозначены черными кружками): 1 – Нижний Новгород, 2 – Калуга, 3 – Тула, 4 – Волот, 5 – Великий Новгород, 6 – Орел, 7 – Белгород, 8 – Владимир, 9 – Ярославль, 10 – Псков. Польские популяции (обозначены светлыми квадратами): 11 – Вроцлав, 12 – Щецин, 13 – Варшава, 14 – Быдгощ, 15 – Сувалки, 16 – Гданьск, 17 – Люблин, 18 – Краков. Немецкие популяции (обозначены светлыми кружками): 19 – Росток, 20 – Берлин, 21 – Магдебург, 22 – Грайфсвальд, 23 – Лейпциг, 24 – Колонь, 25 – Гамбург, 26 – Мюнхен, 27 – Мюнстер, 28 – Майнц, 29 – Фрайбург.

Таким образом, анализ изменчивости Y-хромосомы показывает, что межпопуляционная дифференциация русского населения европейской части России или отсутствует (на уровне анализа распределения SNP-маркеров), или очень мала ( $F_{ST} = 1.09\%$  ( $P = 0.0003$ ) для 12 микросателлитных локусов Y-хромосомы [23]). Однако, как показало настоящее исследование, структурное сходство генофондов русских и польских популяций столь высоко, что на межэтническом уровне сопоставлений оно позволяет провести четкую границу между генофондами славян (русских и поляков) и германцев (немцев).

Б.А. Малярчук выражает благодарность Фонду содействия отечественной науке.

Работа выполнена при финансовой поддержке программы Президиума Российской академии наук “Динамика генофондов и биоразнообразие” и Дальневосточного отделения Российской академии наук (проект 06-I-П11-033) и Российского фонда фундаментальных исследований (проект 06-04-48136).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Jobling M., Tyler-Smith C. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age // *Nat. Rev. Genet.* 2003. V. 4. P. 598–612.
2. Kayser M., Roewer L., Hedman M. et al. Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father/son pairs // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V. 66. P. 1580–1588.
3. Rosser Z.H., Zerjal T., Hurler M. et al. Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V. 67. P. 1526–1543.
4. Semino O., Passarino G., Oefner P.J. et al. The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective // *Science.* 2000. V. 290. P. 1155–1159.
5. 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. V. 18. P. 1077–1087.
6. Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T. et al. Differentiation of mitochondrial DNA and Y chromosome in Russian populations // *Hum. Biol.* 2004. V. 76. P. 877–900.
7. Rootsi S., Magri C., Kivisild T. et al. Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe // *Am. J. Hum. Genet.* 2004. V. 75. P. 128–137.
8. Харьков В.Н., Степанов В.А., Феценко С.П. и др. Частоты диаллельных гаплогрупп Y-хромосомы у белорусов // *Генетика.* 2005. Т. 41. № 8. С. 1132–1136. (Kharkov V.N., Stepanov V.A., Feshchenko S.P. et al. Frequencies of Y chromosome binary haplogroups in Belarusians // *Rus. J. Genet.* 2005. V. 41. № 8. P. 928–931.)
9. Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A. et al. The phylogeography of Y-chromosome binary haplotypes and the

- origins of modern human populations // *Ann. Hum. Genet.* 2001. V. 65. P. 43–62.
10. Y Chromosome Consortium. A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups // *Genome Res.* 2002. V. 12. P. 339–348.
  11. *Hurles M.E., Irvén C., Nicholson J. et al.* European Y-chromosomal lineages in Polynesia: a contrast to the population structure revealed by mtDNA // *Am. J. Hum. Genet.* 1998. V. 63. P. 1793–1806.
  12. *Hammer M.F., Horai S.* Y chromosomal DNA variation and the peopling of Japan // *Am. J. Hum. Genet.* 1995. V. 56. P. 951–962.
  13. *Kwok C., Tyler-Smith C., Medonca B.B. et al.* Mutation analysis of 2 kb 5' to SRY in XY females and XX intersex subjects // *J. Med. Genet.* 1996. V. 33. P. 465–468.
  14. *Hurles M.E., Veitia R., Arroyo E. et al.* Recent male-mediated gene flow over a linguistic barrier in Iberia, suggested by analysis of a Y-chromosomal DNA polymorphism // *Am. J. Hum. Genet.* 1999. V. 65. P. 1437–1448.
  15. *Zerjal T., Dashnyam B., Pandya A. et al.* Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis // *Am. J. Hum. Genet.* 1997. V. 60. P. 1174–1183.
  16. *Underhill P.A., Shen P., Lin A.A. et al.* Y-chromosome sequence variation and the history of human populations // *Nat. Genet.* 2000. V. 26. P. 358–361.
  17. *Ke Y., Su B., Song X. et al.* African origin of modern humans in East Asia: a tale of 12,000 Y chromosomes // *Science.* 2001. V. 292. P. 1151–1152.
  18. *Excoffier L., Laval G., Schneider S.* Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis // *Evol. Bioinform. Online.* 2005. V. 1. P. 47–50.
  19. *Kayser M., Lao O., Anslinger K. et al.* Significant genetic differentiation between Poland and Germany follows present-day political borders, as revealed by Y-chromosome analysis // *Hum. Genet.* 2005. V. 117. P. 428–443.
  20. *Хрунин А.В., Бебякова Н.А., Иванов В.П. и др.* Полиморфизм микросателлитов Y-хромосомы в русских популяциях севера и юга России на примере Курской и Архангельской областей // *Генетика.* 2005. Т. 41. № 8. С. 1125–1131. (*Khrunin A.V., Bebyakova N.A., Ivanov V.P. et al.* Polymorphism of Y-chromosomal microsatellites in Russian populations from the Northern and Southern Russia as Exemplified by the populations of Kursk and Arkhangel'sk oblast // *Rus. J. Genet.* 2005. V. 41. № 8. P. 922–927.)
  21. *Захарова К.Ф., Орлова В.Г.* Диалектное членение русского языка. Изд. 2. М.: УРСС, 2004. 176 с.
  22. *Алексеева Т.И.* Этногенез восточных славян. М.: Изд-во МГУ, 1973. 330 с.
  23. *Перкова М.А., Деренко М.В., Малярчук Б.А.* Распределение антропологически информативных генетических маркеров в популяциях русского населения Восточной Европы // *Матер. Междунар. конф. "Генетика в России и мире"*, посвященной 40-летию Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН. М.: Изд. ФИАН, 2006. С. 152.

## Gene Pool Structure of Russian Populations from the European Part of Russia Inferred from the Data on Y Chromosome Haplogroups Distribution

**B. A. Malyarchuk and M. V. Derenko**

*Institute of Biological Problems of the North, Russian Academy of Sciences, Magadan, 685000 Russia;  
e-mail: malyarchuk@ibpn.ru*

Population structure of Russian population from the European part of Russia was investigated by analyzing the distribution of 23 SNP makers of Y chromosome in Russian populations from Kaluga oblast, Yaroslavl' oblast, Vladimir oblast, Nizhny Novgorod oblast, Pskov oblast, Tula oblast, Belgorod oblast, and Novgorod oblast. In the populations studied a total of 14 Y-chromosome haplogroups (E, F\*, I, J, K\*, N3a, N2, P\*, R1\*, R1a1, C3, H, and A) were discovered, of which haplogroups R1a1, I, and N3a were the prevailing. Analysis of  $\Phi$  statistics in the populations grouped in accordance to the dialect subdivision of the Russian language, showed the absence of statistically significant differences between Russian population groups. Analysis of the Y-chromosome markers distribution patterns among Russian population (10 population groups) in comparison with the population of Germany (11 population groups) revealed statistically significant differences between the gene pools of Slavs (Russians and Poles) and Teutons (Germans).