



## Генетический ландшафт севера Европы от Скандинавии до Волго-Окского междуречья во второй половине I – начале II тыс. н.э.: археогенетические исследования последних лет

Андрей Сергеевич Коньков,<sup>1, #</sup> Иван Вадимович Стасюк<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup> Центр палеоэтнологических исследований, Москва, Россия

<sup>2</sup> Институт истории материальной культуры РАН, Санкт-Петербург, Россия

# E-mail: andrey.s.konkov@gmail.com

**Аннотация.** Статья представляет собой аналитический обзор отечественных и зарубежных научных публикаций последнего десятилетия, посвященных генетической истории населения севера и северо-востока Европы в последней четверти I – начале II тыс. н.э. Обобщены результаты всех значимых работ по археологической генетике, большая часть из которых опубликована в период 2017–2023 гг. Приводятся количественные данные по задействованным в исследованиях образцам и ключевые выводы, полученные различными исследовательскими группами. Рассмотрены генетические данные по следующим темам: формирование генофонда северной и северо-восточной Европы до эпохи викингов; изменение генофонда Скандинавии в эпоху викингов и его влияние на генофонд других территорий; изменение генофонда северо-западной и северо-восточной Руси в период славянского расселения и экспансии викингов; специфика генофонда Финляндии; генетическая история населения после окончания эпохи викингов. Выводы генетиков рассматриваются в историческом контексте, делается попытка их исторической интерпретации в соответствии со свидетельствами письменных и археологических источников. Источниковедческий потенциал собственно генетических данных различается. Наиболее информативны широкогеномные популяционно-генетические исследования, сочетающие анализ аутосомных и однородительских маркеров (Y-хромосома, мтДНК). Однако для некоторых из рассматриваемых территорий широкогеномные исследования пока не проводились либо выполнены на единичных образцах. В этих случаях выводы делались на основании изучения однородительских маркеров. Для ряда ключевых территорий и археологических культур Балтии и Восточной Европы генетические данные полностью отсутствуют. Неравномерная изученность обуславливает наличие обширных белых пятен на генетической карте. Авторы считают геномные данные новым важнейшим историческим источником, работа с которым открывает перспективы для разрешения старых и постановки новых проблем в изучении древней и средневековой истории. В то же время археогенетика является молодой наукой, находящейся на стадии накопления материала, поэтому ее выводы не должны приниматься историками безоговорочно.

**Ключевые слова:** палеогенетика, археогенетика, раннее средневековье, эпоха викингов, Русь, Скандинавия, Прибалтика, Финляндия

**Цитирование.** Коньков А.С., Стасюк И.В. Генетический ландшафт севера Европы от Скандинавии до Волго-Окского междуречья во второй половине I – начале II тыс. н.э.: археогенетические исследования последних лет // Уфимский археологический вестник. 2024. Т. 24. № 4. С. 775–790. DOI: <https://doi.org/10.31833/uav/2024.24.4.052>

## Genetic Landscape of Northern Europe from Scandinavia to the Volga-Oka Interfluve in the Second Half of the 1<sup>st</sup> – Early 2<sup>nd</sup> Millennium AD

Andrey S. Konkov,<sup>1, #</sup> Ivan V. Stasyuk<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup> Paleoethnology research center, Moscow, Russia

<sup>2</sup> Institute for the History of Material Culture, Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

# E-mail: andrey.s.konkov@gmail.com

**Abstract.** The article gives an analytical review of the research findings dedicated to the genetic history of the North and North-East Europe in the last quarter of the 1<sup>st</sup> – early 2<sup>nd</sup> millennium AD. By the era of Vikings population of Scandinavia could be genetically divided into three local subclusters, such as a) Danish-like, b) Swedish-like and c) Norwegian-like. These clusters partially match the modern boundaries of these countries. During the Viking era the gene pools of the local populations started to merge. The most rapid spreading was found in the Danish-like component. Migration processes influenced people in the coastal and main territories. During the Viking era West Scandinavia was exposed to migrants from the British Islands. Sweden and Gotland were exposed to the eastern population of Ruthenia and East Baltic region. Denmark and South Sweden were found with individuals of South European origins. During the Viking era Scandinavian people

were actively moving outside the region. Norwegian immigrants moved to Ireland, the Isle of Man and settled across Iceland and Greenland. Danish immigrants mostly explored Britain. Swedish immigrants spread across the Baltic coast in Estonia and Poland and internal Eastern European plains crossed by river routes. DNA data obtained in Ladoga and Gnezdovo highlight significance of both local and alien Scandinavian population. The Volga-Oka interfluvial population in the first half of the 1<sup>st</sup> millennium AD was genetically close to the west Finno-Ugric people and revealed a lot of the West Siberia component in its gene pool. The early Medieval Russian colonization led to a different genetic group in this area. It was related to the contemporary Belarusians, Ukrainians and Ryazan Russians. In 900<sup>s</sup>–1200<sup>s</sup> Slavic ancestors co-existed with Finno-Ugric people in the Volga-Oka interfluvial. Unlike the Old Ladoga and Gnezdovo Scandinavian genetics was not found here. The West Ingria lacks genome-wide data. Y-chromosome researches suggest that the early Medieval Russians appeared here as late as in 1000<sup>s</sup>–1100<sup>s</sup>. By the late 1200<sup>s</sup> they had mixed with the local Finnish population. Novgorod sopskas and Pskov long kurgans cultures have not yet had ancient DNA data obtained. Such data could have thrown light on the history of Slavic migrations across the North-West Ruthenia. The viking era migrations finished and led to the migrants' genes being absorbed by locals from the internal Scandinavia. In the same way, outside Scandinavia Scandinavians' genes were absorbed. In 1200<sup>s</sup> Slavic colonists' ancestors absorbed ancestors of the local Finno-Ugric populations in the Volga-Oka interfluvial. These mixed gene pools resulted in the contemporary Russians from this region being far from Belarusians and Ukrainians. The Finno-Ugric enclaves lasted in the West Ingria.

**Keywords:** paleogenetics, archaeogenetics, early Middle Ages, Viking Age, Ruthenia, Scandinavia, Baltic region, Finland

**Citation.** Konkov, A.S., Stasyuk, I.V. 2024, "Genetic Landscape of Northern Europe from Scandinavia to the Volga-Oka Interfluvial in the Second Half of the 1<sup>st</sup> – Early 2<sup>nd</sup> Millennium AD", *Ufa Archaeological Herald*, vol. 24, no. 4, pp. 775–790. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31833/uav/2024.24.4.052>

## Введение

Стремительное вторжение молекулярно-генетических методов в историческую науку закономерно ставит проблему поиска взаимопонимания и выработки языка взаимодействия между представителями исходно далеких друг от друга областей знания. Постоянный контакт между специалистами чрезвычайно важен на всех этапах исследования от постановки научной проблемы, задач конкретной работы и отбора материалов до интерпретации результатов.

В первобытной археологии со времен ее становления важную роль играл естественноведческий компонент, поэтому взаимодействие с генетикой (и другими естественными науками) развивается вполне органично. Однако в археологии исторических периодов наладить его оказалось сложнее. Так, в ходе обсуждений архео- или палеогенетических работ<sup>1</sup> с коллегами-медиевистами мы регулярно отмечаем две крайности: от эйфории и завышенных ожиданий до (чаще!) непонимания и неприятия. Обе крайности обусловлены сложностью научной коммуникации.

Археологи-медиевисты имеют, как правило, гуманитарную подготовку. Они оценивают материалы с позиции историко-культурного знания. Генетика же оперирует биологическими понятиями, мыслит в категориях популяций и использует развитый математический аппарат (статистика,

вероятностные оценки, собственные биоинформационные алгоритмы и специальные компьютерные программы). Археолог зачастую не знает возможностей и специфики генетических методов, что не позволяет адекватно сформулировать цель и задачи междисциплинарного исследования. Получив результаты генотипирования, он сталкивается с трудностями их трактовки. Логичным кажется использовать не сами лабораторные результаты, а готовые выводы генетиков, в которых можно было бы уловить намеки на исторические интерпретации. Но генетики, в свою очередь, не всегда способны оценить применимость своих методов и значимость результатов для решения именно историко-культурных проблем. Отсюда иногда возникает соблазн «лихим кавалерийским наскоком» решить вековые проблемы истории и археологии. Это было особенно характерно для периода становления археогенетики и сейчас, по большей части, уже преодолено. Однако необходимо помнить, что археогенетика остается, по сравнению с археологией и физической антропологией, очень молодой наукой, находящейся на этапе накопления материалов. При этом геномные данные являются новым историческим источником, игнорировать который на современном этапе недопустимо. Это является вызовом для историков и археологов, которым приходится овладевать понятийным аппаратом и спецификой методов новой, весьма сложной биологической науки.

<sup>1</sup> Нет устоявшегося разграничения между терминами «археогенетика» и «палеогенетика», их употребление зависит от предпочтений того или иного автора. Зачастую они рассматриваются как синонимы. Не проводя между ними строгой границы, мы придерживаемся интуитивной логики и относим к области палеогенетики вопросы эволюции рода Homo и расселения ранних сапиенсов, а для исследований, посвященных историческим периодам, предпочитаем использовать термин «археогенетика». Однако, учитывая наличие большой «спорной зоны» между ними и неравномерность исторического процесса в различных областях Земного шара, отметим, что разделение это условно.

В последнее десятилетие в России сделано много для решения проблемы выработки «общего языка» науки и в целом – для развития археогенетического направления исследований [Klejn et al., 2017; Клейн, Балановская, 2015]. Следует упомянуть работы ИОГЕН РАН (в первую очередь, лаборатории Е.В. и О.П. Балановских), Института биохимии и генетики Уфимского УФИЦ РАН и Курчатовского института, деятельность Лаборатории исторической генетики МФТИ, создание сайта Генофонд.рф, организацию в 2022 г. тематического круглого стола ИА РАН «Археология и археогенетика: методические проблемы взаимодействия», который задуман как регулярный. Результатом развития этого направления стало появление в ведущих мировых журналах археогенетических работ, выполненных на российской базе отечественными научными группами и включающих широкогеномные исследования [Sharko et al., 2024].

Важной частью этой работы нам видится подготовка русскоязычных обзоров, включающих основные результаты последних генетических исследований и их ключевые выводы, адаптированные для самой широкой историко-археологической аудитории.

Данный обзор охватывает основные публикации последнего десятилетия, посвященные генетической истории населения севера и северо-востока Европы в период славянской и скандинавской экспансии и становления Древнерусского государства.

Общаясь с коллегами-археологами, мы часто слышали вопрос: «На каком объеме данных сделаны те или иные выводы?» В предлагаемом обзоре этот момент акцентирован. Для каждого раздела мы приводим количественные данные по исследованным образцам из рассматриваемых регионов и периодов. Мы также посчитали необходимым привести в тексте общеупотребительные в англоязычных генетических публикациях аббревиатуры, сопровождая их расшифровкой. Это должно упростить читателю последующее знакомство с исходными публикациями. Избегая перегрузки текста, мы опустили методические подробности, не столь важные для нашего читателя, и сделали акцент на результатах и выводах. Методика генетических исследований подробно изложена в исходных публикациях, там же можно найти подробные данные о конкретных археологических памятниках и комплексах, биоматериал из которых был использован их авторами для анализа.

В обзоре сделан акцент на широкогеномных исследованиях. Работы, связанные с изучением исключительно однородительских маркеров (митохондриальной ДНК, Y-хромосомы), рассматриваются либо там, где они корреспондируют с основной линией изложения, либо для ключевых регионов, по которым недостает широкогеномных данных. Это ни в коей мере не означает меньшую

значимость однородительских маркеров в сравнении с аутосомными, однако их специальное рассмотрение перегрузило бы и без того насыщенный текст. Для получения целостной картины необходимо принимать во внимание данные всех трех генетических систем, поэтому подготовка литературного обзора исследований мтДНК и Y-хромосомы остается в наших планах.

### **Формирование генофонда населения до эпохи викингов и славянской колонизации**

В составе населения лесной зоны Северной и Восточной Европы на территории от Скандинавии до Волго-Окского междуречья для периода первой – третьей четверти I тыс. н.э. генетиками изучены несколько популяционно отличных групп, населявших: 1) основную часть Скандинавии; 2) юго-восточную Прибалтику; 3) Волго-Окское междуречье; 4) Лапландию; 5) близкая к саамам, но своеобразная группа, оставившая могильник Левенлухта в Южной Остроботнии. Для этих территорий доступны данные полногеномного анализа образцов древней ДНК, взятых из археологических памятников I – начала VIII в. н.э., территориально и хронологически распределенных следующим образом. В Скандинавии были исследованы 32 образца [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020]: в Швеции от 22 индивидов IV–VIII вв. н.э., в Дании – от 6 индивидов I – начала VIII в. н.э., в Норвегии – 4 индивида II–VI вв. н.э. Население Скандинавии предвикингского времени характеризуют также геномы 34 индивидов из захоронения VIII в. Сальме на о. Сааремаа, Эстония, принадлежавшего воинам из Швеции. В северо-западной России изучено 5 образцов с Ижорского плато: 4 из Керстово I–III вв. н.э., 1 из Малли I–IV вв. н.э. [Saag et al., 2019]. В Финляндии – 3 образца IV/V–VIII/IX вв. н.э. из могильника Левенлухта [Lamnidis et al., 2018]. Для этого же памятника изучено 12 митохондриальных геномов [Översti et al., 2019]. В Волго-Окском междуречье исследовано 9 образцов из могильника культуры рязано-окских могильников второй половины III – IV в. н.э. Большое Давыдовское-2 в окрестностях Суздаля [Peltola et al., 2023]. Во всех случаях результаты исследования древней ДНК были сопоставлены с обширными выборками генотипов современного населения, а также с данными древних индивидов каменного, начала железного и бронзового веков с указанных территорий Скандинавии, Балтии, Финляндии, Восточной и Центральной Европы. Проведенное сравнение позволяет выделить следующие ключевые этапы в формировании популяционной основы населения изучаемой территории.

1) Эпоха неолита принесла генетический компонент анатолийских земледельцев (AF – Anatolian farmers), выявленный на территории Скандинавии [Coutinho et al., 2020; Skoglund et al., 2014] и не об-



наруженный в восточной Балтии, на острове Готланд [Coutinho et al., 2020; Mittnik et al., 2018], в центре Русской равнины [Saag et al., 2021] и более северных территориях [Lamnidis et al., 2018].

2) В период бронзового века по территории северной и центральной Европы расселялись носители традиций культурной общности боевых топоров, включая фатьяновское население Волго-Окского междуречья [Saag et al., 2021] и культуру ладьевидных топоров (BCA – Battle Axe culture) [Coutinho et al., 2020]. Генофонд этих людей содержал компоненты восточноевропейских охотников-собирателей (EHG – Eastern hunters-gatherers) и кавказских охотников-собирателей (CHG – Caucasian hunters-gatherers), но также в начальный этап формирования включил в себя компоненты и анатолийских земледельцев (AF), и западноевропейских охотников-собирателей (WHG – Western hunters-gatherers) с долей около 20–30% [Haak et al., 2015; Allentoft et al., 2015]. Таким образом, приход носителей традиций боевых топоров на новые территории Балтии и Волго-Окского междуречья распространял и эти генетические компоненты.

Носители традиций общности боевых топоров проникают в Скандинавию [Coutinho et al., 2020], куда до этого прежде проникали земледельцы неолита (AF), и на территории Балтии [Mittnik et al., 2018; Pinhasi et al., 2017; Saag et al., 2017] и Волго-Окского междуречья [Saag et al., 2021], которые прежде, видимо, оставались в стороне от активных миграционных процессов в остальных областях Европы.

3) Расселение выходцев из Западной Сибири, которые в период 4–6 тыс. лет назад принесли западносибирский генетический компонент, связанный, как предполагается, с распространением носителей прото-финно-угорских языков [Tambets et al., 2018]. Сопоставление полногеномных данных с данными однородительских маркеров (Y-хромосомы) указывает на этот же интервал, датируемый периодом 6–4,5 тыс. лет назад [Puumäe et al., 2016]. Западносибирский компонент оставил вклад в аутосомах всех современных финно-угорских популяций севера Европы от Поволжья и Прикамья до Балтии и Фенноскандии. Доля западносибирского компонента убывала по мере распространения носителей финно-угорских языков с востока на запад, от Приуралья до Балтийского моря и поглощения их прежними обитателями на маршруте расселения [Tambets et al., 2018]. У современных западных финно-угорских народов его частота падает от 10% в обобщенной выборке финнов до 3–5% в обобщенной выборке эстонцев, но примечательно, что, несмотря на свой небольшой вклад у современных эстонцев, западносибирский генетический компонент достоверно отсутствует у соседних с ними литовцев, говорящих на языках другой, индоевропейской семьи [Mittnik et al., 2018]. Данные анализа ДНК индивида из Кольско-

го Оленеостровского могильника, датируемого серединой – третьей четвертью II тыс. до н.э. [Колпаков и др., 2019] и биоинформационное моделирование на его основе показывают, что сибирский генетический компонент был включен в популяцию предков оленеостровцев в промежутке 4–5 тыс. лет назад или даже ранее. Авторами исследования высказано осторожное предположение, что его появление в регионе могло предшествовать распространению уральских языков, а модель, напрямую связывающая их появление на севере Европы с носителями сибирского генетического компонента, может быть слишком упрощенной [Lamnidis et al., 2018].

4) Финал эпохи бронзы и ранний железный век, включая I тыс. до н.э. и первую половину I тыс. н.э., сопровождался рядом примечательных локальных перемещений. Так, в Балтии и Скандинавии отмечен рост доли генетического компонента доземледельческого населения (WHG), а в Скандинавии – также рост вклада компонента, который был привнесен ранее носителями традиции боевых топоров [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020; Saag et al., 2019; Mittnik et al., 2018].

В этот период также происходила инфильтрация западносибирского компонента среди популяции восточного побережья Балтийского моря. По оценкам материалов могильников с каменными оградками римского железного века из каменных могильников Эстонии, она дает значения, датируемые не ранее 3,5 тыс. лет назад [Saag et al., 2019]. Эта примесь сохраняется и в Средние века, и у современных эстонцев, а в образцах более раннего времени эпохи бронзы западносибирская примесь не выявляется. Вычисленная датировка этой примеси достоверно подтверждается и сопоставлением информации по древней ДНК с информацией по генофонду современных эстонцев [Mittnik et al., 2018]. Примечательно, что половина выборки изученных мужских индивидов железного века Эстонии и более трети современных эстонских мужчин имеют Y-хромосомную гаплогруппу N3a, распространенную в других уральскоязычных популяциях, живущих гораздо дальше на восток и ранее, до рубежа эпохи бронзы и раннего железа, не отмечавшуюся в Восточной Балтике, хотя аутосомы особой эстонского железного века в среднем демонстрируют только 3–5% сибирского происхождения.

5) Также важно отметить, что в последнем по времени исследовании [Rodriguez-Varela et al., 2023] не подтверждена миграция в Скандинавию населения со стороны более южных районов Европы в железном веке, которая была выявлена авторами одной из более ранних работ [Margaryan et al., 2020]. Авторы более ранней работы выделили биоинформатическим моделированием некий добавочный компонент, названный ими “North

Atlantic” и постулировали, что его распространение должно было быть связано с миграциями кельтов в Скандинавию. Однако данный тезис не был обоснован сравнением с древними или современными кельтскими популяциями и вообще каким-либо анализом, т.к. имел только гипотетический характер. В новом исследовании опровергнуто существование данного компонента и показано, что с начала железного века до эпохи викингов отсутствовали какие-либо крупные миграции населения со стороны более южных районов материковой Европы и Британских островов.

### **Изменение генофонда Скандинавии в эпоху викингов**

Население Скандинавии в эпоху викингов вступило в период популяционных трансформаций, которые привели к интеграции населения ее отдельных субрегионов, сопровождалась инфильтрацией в Скандинавию переселенцев из других регионов, и наоборот, популяционно значимым оттоком населения из Скандинавии на другие территории. Миграционная динамика на рубеже I и II тыс. н.э. отличалась многовекторностью и направленностью как внутри региона, так и в соседних областях.

Выводы исследователей о популяционной структуре и облике населения Скандинавии эпохи викингов были сделаны на основании полногеномного анализа ДНК и однородительских маркеров более 370 введенных в научный оборот индивидов VIII–XI/XII вв. н.э. [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020; Ebenesersdottir et al., 2018; Krzewinska et al., 2018; Gopalakrishnan et al., 2022]. С территории Швеции изучены образцы 173 индивидов эпохи викингов, в том числе 53 – с острова Готланд и 29 с острова Эланд. В Норвегии исследован геном 41 индивида, в Дании – 82 индивидов эпохи викингов. Кроме того, исследованы образцы 52 индивидов из Исландии и 23 из Гренландии, заселенных выходцами из Скандинавии (преимущественно из Норвегии). Однако гренландские образцы датированы финалом эпохи викингов или более поздним временем вплоть до XIV в.

Анализ этих данных позволил выявить следующие изменения в популяционной структуре населения Скандинавии в начале эпохи викингов.

К началу эпохи викингов население Скандинавии в генетическом отношении делилось на три локальных субкластера: а) Danish-like, б) Swedish-like, в) Norwegian-like, которые частично соответствуют границам соответствующих современных стран. Но существовали и отличия, так, ареал датского кластера охватывал еще и территорию юго-запада Швеции [Margaryan et al., 2020].

В эпоху викингов началось взаимопроникновение между генофондами локальных популяций и распространение характерных для них локальных популяционных компонентов. Наиболее широко и активно распространялся компонент,

характерный для датского кластера популяций, проникая далеко на север и во внутренние районы Скандинавии. Это соотносится с данными исторических источников, согласно которым именно *dǫnsk tunga* («речь датчан») была *Lingua Franca* для всей скандинавской территории [Margaryan et al., 2020]. Существовали территории, менее затронутые межрегиональными перемещениями, например, внутренние районы Ютландии в Дании, территории средней Норвегии и окрестности Керды во внутренних глубинных районах южной Швеции.

Существовали также территории, наиболее активно затронутые внутрорегиональными миграциями. К ним относились острова Эланд и Готланд в Швеции и остров Лангеланн в Дании. Эти же территории были зонами самого активного популяционного взаимодействия населения Скандинавии с населением иных регионов. Именно они в наибольшей степени испытали влияние не только перемещения групп внутри самой Скандинавии, но и популяционное влияние со стороны переселенцев из других областей Европы.

Скандинавия в эпоху викингов испытала инфильтрацию населения из иных регионов со стороны следующих направлений [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020].

1) *С севера*. Норвежские группы с территории фюлька Нурланн испытали смешение с соседними популяциями, близкими современным саамам. Здесь обнаружены метисированные индивиды, сочетающие норвежский и саамский генетические компоненты.

2) *С запада*. Западные районы Скандинавии (Дании, Норвегии, юга Швеции) подвергались активному влиянию переселенцев с Британских островов. Восток Швеции был затронут ими в значительно меньшей степени.

3) *С востока*, со стороны переселенцев из восточной Балтии и популяций, близких современным финнам. Эти переселения затронули Швецию, в том числе ее прибрежные территории и остров Готланд. На Готланде доля шведского компонента даже уступила по своему популяционному вкладу пришельцам с восточного побережья Балтийского моря и из других областей Скандинавии.

4) *С юга* – в меньшей степени. В Дании и на юге Швеции обнаружены индивиды с южноевропейским происхождением, отсутствующие здесь в предыдущие эпохи.

### **Влияние генофонда Скандинавии в эпоху викингов на другие регионы**

Уже в конце вендельского времени начинаются военные походы выходцев из Скандинавии в другие регионы Балтии. Об этом говорят данные с острова Сааремаа в Эстонии, полученные из коллективного воинского захоронения в Сальме, датированного серединой VIII в. н.э., где изучено 34 образца. Эти люди, согласно данным изотопного

анализа, прибыли на Сааремаа из района Меларен в Восточной Швеции в составе однородной группы, где преобладал шведский кластер и не было генетического вклада со стороны других регионов Скандинавии. Многие из них обладали высоким социальным статусом и приходились друг другу родственниками [Margaryan et al., 2020]. Неясно, был ли этот эпизод просто разбойничьим рейдом конунга Ингвара Высокого, как повествует «Сага об Инглингах», или отмечает начало попыток расселения. Хотя данный конкретный эпизод представляет собой просто след пространственных перемещений за пределы Скандинавии, по-видимому, без популяционно значимых последствий, он может помочь в датировании начала собственно переселенческих процессов, так как исход скандинавов в другие регионы должен был начаться вскоре после таких первых набегов.

В эпоху викингов население Скандинавии активно переселялось за пределы скандинавского региона и оставляло свой след в популяциях иных территорий [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020; Gilbert et al., 2017]. Здесь оно также имело свои закономерности.

1) Выходцы из Норвегии переселялись в Ирландию, на остров Мэн и заселяли необжитые территории Исландии и Гренландии.

2) Выходцы из Дании преимущественно осваивали Англию.

3) Выходцы из Швеции осваивали побережье Балтии в Эстонии и Польше (по другим территориям Восточной Балтики пока не хватает информации) и внутренние районы Восточно-Европейской равнины, лежащие на речных путях.

4) Также существовали такие зоны, как Оркнейский архипелаг, население которых получало генетическую примесь пришельцев из Скандинавии (со стороны Норвегии и Дании), но в целом сохраняло свой генофонд, при этом полностью перенимая пришлую скандинавскую культуру, что видно в погребальном инвентаре [Margaryan et al., 2020].

Рассмотрение областей к западу и юго-западу от Скандинавии выходит за пределы задач данного обзора, однако не лишним будет привести количественные данные по образцам с этих территорий, создающих своего рода популяционный фон рассматриваемых процессов. Они также важны для представления о сопоставимости объема имеющихся генетических данных. С территории Исландии проанализировано 52 генома жителей эпохи викингов и начала Средневековья (до начала XII в. включительно), 23 – из Гренландии (преимущественно финала эпохи викингов и более позднего времени, до XIV в. включительно), 17 – с Фарерских островов, 8 с Оркнейских островов, 4 из Ирландии, 32 из материковой Великобритании, 1 с острова Англси и 1 с острова Мэн. Эти данные были дополнены данными 5 образцов из Италии,

которые связаны с потомками норманнских переселенцев и относятся уже к эпохе после окончания экспансии викингов [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020].

Данные ДНК из областей к востоку от Скандинавии были получены с острова Сааремаа (уже упоминавшееся выше захоронение в Сальме), с территории Польши и внутренних областей России и Украины, которые в древности лежали на речных путях [Rodriguez-Varela et al., 2023; Peltola et al., 2023; Margaryan et al., 2020]. Все образцы ДНК были изучены полногеномным анализом. Для территории Польши изучено 10 образцов: Сандомир (конец X – первая половина XI в.) – 1, Бодзя (конец X – первая половина XI в.) – 5, Цедыня (рубеж XI–XII вв.) – 2, Черск (предполагаемое погребение Магнуса Гарольдсона) – 1, Краков-Закржовек (XI–XII вв.) – 1 [Margaryan et al., 2020]. Данные для территории России (33 индивида) и Украины (4 индивида) получены на основе данных из могильников: Старая Ладога, грунтовый могильник на Земляном Городище (XI в.) – 17 индивидов; Псков, камерные погребения (X – начало XI в.) – 2 индивида; Гнездово, курганный могильник (X – начало XI в.) – 12 индивидов; Куреваниха-2, курганный могильник (XI–XIII вв.) – 2 индивида; Чернигов, захоронение Глеба Святославовича из династии Рюриковичей (XI в.) – 1 образец; Луцк, захоронение Изяслава Ингваревича из династии Рюриковичей (XIII в.) – 1 образец; Шестовица, курганы (X–XI вв.) – 2 индивида.

Восточное направление миграций привело к переселениям скандинавов как на прибрежные территории, так и во внутренние районы Восточной Европы.

На территории Польши выходцы из Скандинавии проникают через реки во внутренние районы и появляются в Сандомире – одном из основных городов ранней Польши. В Бодзе найден индивид, чей меч имеет знак Святополка Окаянного, что указывает на переселения в Польшу населения со стороны Руси, и активные внутренние связи [Margaryan et al., 2020].

На территории Руси выходцы из Скандинавии также проникали по речным путям внутрь страны. По археологическим и антропологическим данным они достоверно присутствовали и создавали свои общины в Старой Ладоге [Платонова, Санкина, 2018], Пскове [Мальшева, 2012], Гнездове [Куряев, 2001], Тимирёве [Седых, 2006] и Шестовице [Санкина, 2012; Моця, Скороход, 2020; Коваленко, Моця, Сытый, 2012]. Весьма вероятно проживание выходцев из Скандинавии в Киеве [Зоценко, 2003; Андросчук, 2004; Михайлов, 2016] и Чернигове [Долженко, 2011].

Выборки из Пскова, Куреванихи и Шестовицы малоинформативны, так как насчитывают всего по два образца, и поэтому не позволяют достоверно описать популяционно-генетические особенности



обитателей этих поселений. Значительно больший интерес представляют результаты исследований раннесредневековых выборок из Ладоги (n=17) и Гнёздова (n=12). Авторы публикации [Margaryan et al., 2020] рассматривают популяционные процессы на широком европейском фоне и в тексте работы не акцентируют внимания отдельно на этих памятниках. Между тем для древнерусской археологии они имеют ключевое значение, поэтому прокомментируем некоторые наблюдения, которые можно сделать из *Extended data* к работам [Margaryan et al., 2020] и [Rodriguez-Varela et al., 2023].

Данные ДНК из Ладоги и Гнёздова свидетельствуют о значимой доле и местного, и пришлого скандинавского населения. У жителей этих двух поселений есть и некоторые общие, и различные особенности во вкладе этих групп. В выборке из могильника на Земляном городище в Ладоге скандинавское присутствие было намного более выраженным, причем в нем преобладали выходцы из Швеции. Эти люди были преимущественно связаны с населением окрестностей Сигтуны, Скары и о. Эланд. В Гнёздове и Ладоге с равной долей присутствовали выходцы из Дании (или, что более вероятно, те скандинавы, которые получили датский генетический компонент во время его распространения по прибрежным районам Скандинавского полуострова в начальный период эпохи викингов). В обеих выборках отмечается очень низкий вклад выходцев из Норвегии. В Ладоге обнаружен индивид, который может быть выходцем с Британских островов, что вполне допустимо в силу усилившихся межпопуляционных контактов в Северной Европе, но все же несколько удивительно на фоне невысокого вклада выходцев из более близкой Норвегии.

Местный компонент в Гнёздове ближе всего из изученных групп современному и раннесредневековому населению Польши, что ожидаемо в силу общей популяционной основы, возникшей в прежние эпохи. Этот факт сопоставим с данными по Волго-Окскому междуречью для домонгольского периода, где местное славянское население ближе населению Беларуси и Украины, чем современное население этих мест [Peltola et al., 2023]. Возможно, будущие исследования, которые привлекут материалы древней ДНК из Беларуси и западных областей России, в еще большей степени сблизят гнёздовскую выборку с этими группами, чем с современным и раннесредневековым населением Польши.

Местный компонент в Ладоге не имеет сходства с современным и средневековым польским населением, но обнаруживает сходство с современными финскими популяциями.

### **Изменение генофонда Северной Руси в период славянской колонизации и наследие финно-угорских популяций**

Расселение скандинавов в Восточной Европе совпало по времени с другим культурным и популяционным процессом. В эпоху викингов, а также несколько ранее ее и после ее окончания, здесь происходило распространение славянского населения. Оно началось еще в догосударственный период и продолжалось в эпоху существования Древней Руси. Этот процесс сопровождался взаимодействием с финно-угорским населением. Судя по археологическим и историческим данным, в одних случаях оно подвергалось ассимиляции, утрачивало свои культурные и языковые особенности, в других формировалась смешанная славяно-финская культура, в-третьих – имело место длительное сосуществование разноэтничных и разнокультурных групп, которые в отдельных случаях сохранили свою идентичность до этнографических времен [Рябинин, 1997].

Информация об этих процессах с точки зрения генетики в настоящее время получена для трех древнерусских территорий: Ижорского плато на северо-западе Новгородской земли, Волго-Окского междуречья во Владимирской области и окрестностей Белоозера. К сожалению, в настоящее время ощущается нехватка широкогеномных данных для древнерусской территории, и ряд значимых наблюдений сделан исключительно по однородительским маркерам.

Для крайнего новгородского Северо-Запада доступны данные четырех могильников: Тegliцы-1 (XII–XIV вв.) – 4 образца, Тegliцы-2 (XII–XIII вв.) – 4 образца, Великино (XIII–XV вв.) – 4 образца, Ратчино (XII–XIII вв.) – 4 образца [Мустафин, Альборова, Стасюк, 2021]. Они были изучены с помощью маркеров Y-хромосомы и митохондриальной ДНК.

Для окрестностей Белоозера имеются данные из трех могильников: Нефедьево (XI–XIII вв.) – 27 образцов, Менино-2 (XI–XIII вв.) – 12 образцов, Шуйгино (XII–XIII вв.) – 8 образцов [Куликов, Бужилова, Полтараус, 2004], изученных по маркерам митохондриальной ДНК.

Для Волго-Окского междуречья выводы о популяционной структуре и облике населения были сделаны на основании анализа нескольких образцов в окрестностях Суздаля и Гороховца на западе и востоке Владимирской области. С территории Суздальского Ополя исследованы образцы ДНК из следующих могильников: Шекшово-9 (XI–XII вв.) – 9 образцов, Шекшово-2 (XII–XIII вв.) – 2 образца. Из могильников Пужалова Гора (XII–XIII вв.) и Сретенский монастырь (XIII–XVII вв.) на территории города Гороховца изучены 4 образца. Для изучения популяционной динамики средневековые данные дополнены данными из хроно-

логически более поздних могильников в окрестностях Суздаля: Кибол-3 (XVIII вв.) – 3 образца, Кидекша (XV–XVIII вв.) – 4 образца, Красное-3 (XVI–XVII вв.) – 1 образец. Все образцы в этом исследовании были изучены полногеномным анализом [Peltola et al., 2023].

Анализ этих трех зон славянской и древнерусской колонизации позволил выявить свою картину в каждой из них.

В Волго-Окском междуречье население первой половины I тыс. н.э. в генетическом отношении было близко западным популяциям финно-угорского мира и несло в своем генофонде высокую долю западносибирского компонента [Peltola et al., 2023]. Эти группы могли быть частью общего мира финно-угорских популяций и культуры. Кроме этого компонента, как и у более западных финно-угорских популяций, к которым относятся финны Финляндии, финны-ингерманландцы, вепсы, обобщенная выборка карел и обобщенная выборка эстонцев, оно также несло высокую долю вклада местного населения Восточной Европы эпохи железа и бронзы. Примечательно, что согласно расчетам [Peltola et al., 2023], представителями этого местного восточноевропейского населения были не потомки носителей фатьяновской культуры, обитавшие здесь ранее, а генетически близкие им популяции железного века Балтии. Население же самой фатьяновской культуры, согласно данным биоинформационного анализа, вообще не оставило своего вклада в популяции раннего средневековья. Но важно понимать, что этот вывод может быть артефактом моделирования, и будущие исследования могут подтвердить преемственность местного европейского компонента в составе этих популяций I тыс. н.э. от фатьяновского населения. Источник восточноевропейского компонента в генофонде дославянского населения Волго-Окского междуречья еще требует уточнения.

Генофонд этой группы первой половины I тыс. н.э. сохранялся у финно-угорских групп Волго-Окского междуречья к приходу славян и, более того, сосуществовал с генофондом славянских пришельцев в X–XIII вв.

В период древнерусской колонизации здесь появилась генетически иная группа, отличная от финно-угорских. Она была близка современным белорусам и украинцам, русскому населению из Рязани и не несла западносибирского компонента. Славянские новопоселенцы в Волго-Окском междуречье, будучи генетически близки украинцам и белорусам, отличались от западных славян [Peltola et al., 2023]. Потомки славян сосуществовали с финно-угорскими обитателями в X–XIII вв.

В Волго-Окском междуречье, в отличие от Старой Ладogi и Гнёздова, присутствие скандинавского населения генетически не выявлено, что может говорить или о его реальном отсутствии в регионе, или об очень незначительной доле, не оказавшей популяционно значимого влияния.

Схожая ситуация, хотя и со своей спецификой, отмечена на Ижорском плато. По данным археологии, славяне не селились здесь вплоть до рубежа XI–XII вв., хотя в эпоху викингов (а возможно, и ранее) активно осваивали соседние области верхнего Полужья и Поволховья [Лесман, 1982]. Древности западной Ингрии непосредственно эпохи викингов представлены могильниками с кремациями. Археологические признаки позволяют достаточно уверенно считать это население принадлежащим к западной группе прибалтийских финнов, однако сохранность кремированных останков не позволяет извлечь из них ДНК [Стасюк, 2023]. Поэтому выводы о генетическом облике дославянского населения Ингрии в эпоху скандинавской экспансии и формирования Древнерусского государства приходится делать, экстраполируя данные по местным популяциям железного века и развитого средневековья.

По генофонду первой половины I тыс. н.э. на Ижорском плато в научный оборот ведены пять образцов из культур могильников с каменными оградками римского железного века, изученных широкогеномным анализом. Для мужских индивидов (n=2) также определена Y-хромосомная гаплогруппа R1a. Отмечено высокое разнообразие митохондриальных гаплогрупп, оказавшихся различными у всех изученных индивидов: U5a, H2a, H3h, U4a, T1a [Saag et al., 2019]. В исследованиях [Margaryan et al., 2020; Peltola et al., 2023] по аутомаркерам показано сходство этих образцов с выборками из Эстонии железного века и средневековья. Это согласуется с высказанным археологами предположением [Хвоцинская, 2023; Стасюк, Мустафин, Альборова, 2020], что население культуры могильников с каменными оградками римского железного века составило популяционный фундамент населения I тыс. н.э. как в Эстонии, так и в смежных с ней областях западной Ингрии, вошедших не позднее X в. в сферу политического влияния Великого Новгорода. Для групп Эстонии и Ижорского плато характерна высокая доля генетического компонента, связанного с ямной культурой и культурой шнуровой керамики, что, в свою очередь, указывает на значительную генетическую преемственность населения раннего железного века Эстонии и западной Ингрии от КШК бронзового века. В исследовании [Peltola et al., 2023] показано незначительное присутствие (<5%) сибирского компонента в популяциях как Эстонии эпохи бронзы и раннего железа, так и в выборке раннего железного века из Ингрии.

Имеются также Y-хромосомные и митохондриальные гаплотипы семи индивидов финала эпохи викингов и средневековья из могильников западной Ингрии, достоверно ассоциируемых с историческим прибалтийско-финским населением – водью или эстами [Стасюк, 2023; Хвоцинская, 2023]. Доминирующей в них является Y-хромосомная гаплогруппа N1a-M46. Время появления



ее носителей на Ижорском плато остается невыясненным. Хотя данная гаплогруппа и не выявлена у населения железного века, это может объясняться мизерным объемом мужской выборки из каменных могильников ( $n=2$ ). Примечательно, что филогенетический анализ внутри данной гаплогруппы, широко представленной в популяциях финно-угорских народов, выявил близость средневековых индивидов из Ингрии к представителям современных эстонцев, карел, вепсов, саамов с оценкой древности общего предка в кластере в диапазоне VI–XII вв. Как и для железного века, отмечено высокое разнообразие митохондриальных гаплогрупп U5b, H, J1c, D4g, T2b [Мустафин, Альборова, Стасюк, 2021]. Отсутствие аутомомных данных не позволяет оценить долю сибирского генетического компонента.

На рубеже XI–XII вв. Ижорское плато активно осваивается славянами. Там появляется новое население с новым погребальным обрядом и набором вещей [Стасюк, 2022]. С ними могли проникнуть носители Y-хромосомных гаплогрупп R1a-Z282 (4 образца из Теглицы-2 XII–XIII вв.) и южноевропейской E1b-V13 (3 образца из Теглицы-1 XII – середины XIV в.). В XII–XIII вв. пришельцы сосуществуют с прежним финно-угорским населением, которое характеризуется доминированием гаплогруппы N1a-M46 среди изученных мужских индивидов. Ранее археологами обоснован тезис о постепенном культурном сближении и ассимиляции славянского и прибалтийско-финского населения Ижорского плато под нивелирующим влиянием общей древнерусской культуры [Рябинин, 2001]. Это подтверждается последними генетическими исследованиями: в могильнике Плещевицы выявлены два индивида конца XIII – XIV в. – мужчины с гаплотипами группы N1a-M46, захороненные по древнерусскому христианскому обряду в курганах-жальниках с каменным крестом в изголовье (X.X. Мустафин, И.В. Стасюк, неопубликованные данные). Хотя между этими группами происходило смешение в культурном и биологическом отношении (проживание на одной территории несомненно сопровождалось появлением смешанных семей), этот процесс не был завершён вплоть до современности. Представители финно-угорского населения – носители языка и культуры сохранились в составе малых народов води и ижоры.

Для памятников соседних областей, активно охваченных славянской колонизацией второй половины I тыс. н.э. и связанных с культурами новгородских сопков и псковских длинных курганов, пока нет данных древней ДНК, которые могли бы многое прояснить в истории славянского населения на северо-западе Руси. Это очень существенный пробел на генетической карте Русской равнины эпохи раннего средневековья, заполнить который крайне затруднительно по причине доминирования обряда кремации в указанных культурах. В

этих условиях на первый план выходят данные более позднего периода (условно после 1000 г.), сопровождавшегося распространением ингумаций.

В окрестностях Белоозера, согласно исследованиям мтДНК 47 индивидов из могильников Нефедьево, Монино и Шуйгино, господствовало популяционное влияние европейских (славянских?) пришельцев, при этом выявлена высокая однородность митотипов в изученной популяции: 91,6% индивидов принадлежат единому митотипу, соответствующему Кембриджской эталонной последовательности. Столь высокая частота «кембриджского» митотипа значительно превышает средние значения для европейских популяций, что указывает на малочисленность группы первооселенцев и сильный эффект основателя (или, в данном случае, основательницы) [Куликов, Бужилова, Полтараус, 2004]. Это может указывать на замкнутость общин, оставивших указанные могильники. Возможно, русские поселенцы Белоозерья в XI–XIII вв. сохраняли традицию браков «среди своих» и крайне ограниченно брали в жены представительниц местного населения. И приведенные выводы, и наше предположение нуждаются в проверке на современном уровне, поскольку исследования мтДНК не обладают достаточной «разрешающей способностью» для столь коротких временных отрезков и узколокальных выборок.

Описанные случаи взаимоотношения славянского и финно-угорского населения характеризовались длительным популяционным и культурным сосуществованием обеих групп, однако оно имело свои локальные отличия. Следует полагать, что в других местах взаимоотношение славянского и финно-угорского мира могло происходить по разному сценарию и иметь различные следствия в популяционной структуре.

### **Генофонд Финляндии и Кольского полуострова и его изменения в I и II тыс. н.э.**

Несмотря на широчайший охват территории Финляндии генетическими исследованиями современных популяций, аутомомных данных по древней ДНК из финских могильников эпохи викингов пока нет в научном обороте. В последнем по времени исследовании [Översti et al., 2019] введены в научный оборот и проанализированы полные митохондриальные геномы 56 индивидов из могильников Финляндии от железного века до средневековья, распределённые следующим образом: Левенлухта (IV–VIII вв.) – 12 индивидов; Луистари ранние (VIII–XI вв.) – 5 индивидов; Луистари поздние (XII–XIII вв.) – 5 индивидов; Холлола ранние (X–XI вв.) – 4 индивида; Холлола поздние (конец XI – XIII в.) – 12 индивидов; Тууккала (XIII – начало XV в.) – 18 индивидов. В том же исследовании изучена выборка корелы из могильника Хийтола в северо-западном Приладожье, Ленинградская область (XIII–XV вв.) – 14 индивидов.

В целом, среди историков и генетиков сформировалось представление об обособленном месте Финляндии в генетическом ландшафте Европы. Исследования Y-хромосомы и всего генома показывают, что модели генетического разнообразия финнов отличаются от большинства других популяций Западной Евразии [Översti et al., 2017; 2019]. Долгое время Финляндию определяли как «однородный изолят», но по мере развития генетических методов и расширения выборок представления и об однородности, и об изолированности финских популяций стали подвергаться критике.

По данным Y-хромосомы современных финнов [Palo et al., 2009] установлен значительный приток скандинавских (преимущественно шведских) мужских генов в южную и западную часть Финляндии, а также сходство с населением Эстонии. Скандинавское влияние было самым высоким в прибрежной выборке Ларсмо и существенным в большинстве субпопуляций района раннего заселения, объединяющего приморские территории юга Финляндии, а также в Лапландии. В то же время по составу митохондриальных гаплогрупп регион Ларсмо показывает сходство с восточно-финскими популяциями. На востоке, в исторической области Южной Карелии, скандинавское мужское влияние не фиксируется. Ареал позднего расселения (север Финляндии), в свою очередь, по-видимому, сохранил большую часть генетического состава финно-угров, происходящего из регионов к востоку от Финляндии. Это отражается на распределении гаплогрупп: скандинавская Y-гаплогруппа I встречается с частотами >30% только в западной Финляндии. Гаплогруппа N3, типичная для финно-угорских популяций северо-восточной Европы, наблюдаются во всех частях Финляндии, но достигает высоких частот (~79%) только на востоке. Для большинства современных финнов генетический вклад балтских и русских популяций оказался крайне низок или отрицателен. Однако авторы исследования [Palo et al., 2009] не имели оснований для независимой датировки появления указанных черт генофонда современных финнов.

В настоящее время представляется, что генофонд финнов исторически сформировался в ходе тех же популяционных процессов, что и у других прибалтийско-финских народов. Поэтому хотя бы на части территории Финляндии должно было обитать население, генетически близкое к современным финнам [Tambets et al., 2018; Kerminen et al., 2017]. Данные по современной ДНК указывают на то, что север Финляндии был заселен современными финнами относительно поздно. Так, территория провинции Северная Остроботния была заселена в XVI в. выходцами из восточных провинций Финляндии – Саво и Восточной Карелии, что согласуется с историческими источниками [Kerminen et al., 2017]. Следовательно, популя-

ционная территория предков современных финнов была меньше, чем сейчас, и тяготела к югу страны. При этом сильные отличия между западными и восточными группами современных финнов косвенно свидетельствуют о длительной истории формирования популяционной структуры.

Среди характерных для финнов субвариантов митохондриальных гаплогрупп, выявленных в исследовании [Översti et al., 2017], по-видимому, существуют два размытых и в значительной степени перекрывающихся кластера: первый сформировался между 1000–2000 лет назад, второй около 3300–5500 лет назад. Возраст более старого кластера совпадает по времени с появлением культуры шнуровой керамики в Финляндии. Появление и распространение сельского хозяйства, которое во времени соответствует оценкам возраста большинства гаплогрупп, характерных для финнов, может быть признаком увеличения численности населения, вызванного новым способом существования. Возраст более молодого кластера может быть соотнесен с выявляемым по данным археологии демографическим подъемом железного века (~1500 лет назад), за которым последовал существенный спад численности населения. Предположительно, это «бутылочное горло» железного века, наблюдаемое по археологическим данным, около 1500–1300 лет назад, по времени совпадает с уменьшением численности населения, заметным при моделировании демографической истории характерных для финнов подгаплогрупп [Översti et al., 2017].

Особняком от прочего населения южной и центральной Финляндии стоит население, оставившее могильник Левенлухта второй половины I тыс. н.э., расположенного на побережье Ботнического залива Балтийского моря. Он выделяется как в археологическом, так и популяционно-генетическом отношении. Из могильника Левенлухта было изучено 3 полных генома IV–VIII вв. Все представители этой группы населения отличаются от современных финнов повышенной долей западносибирского компонента. Обитатели Левенлухты оказываются ближе к саамам, чем к современным финнам, проживающим сейчас в районе этого памятника [Lamnidis et al., 2018; Översti et al., 2019]. Не вызывает сомнений, что на севере современной Фенноскандии к началу экспансии викингов обитали популяции, схожие с современными саамами [Tambets et al., 2018; Lamnidis et al., 2018; Margaryan et al., 2020]. Однако это не означает, что территория Левенлухты в I тыс. н.э. входила в ареал обитания собственно саамов. Корректнее на данном этапе говорить о генетически саамоподобном населении. Важно, что в Скандинавии эпохи викингов вклад населения, близкого к саамам, четко выявляется в северных районах Норвегии, соседствующих с ареалом саамов. В Швеции влияние иноземного нескандинавского населения

происходило со стороны других популяций, которые были близки населению Балтии [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020]. Если бы население, близкое обитателям Левенлухты, было бы широко расселено по балтийскому побережью Финляндии, то было бы ожидаемо, что оно оставило свое влияние среди жителей балтийского побережья Швеции, чего не наблюдается. Следовательно, население, генетически близкое жителям Левенлухты, скорее всего, занимало ограниченную территорию. Очевидно, что население Левенлухты было замещено группами, близким к современным финнам, в более поздние времена.

Иная картина сложилась из образцов митохондриальной ДНК могильника Луистари – одного из крупнейших и наиболее изученных некрополей Финляндии раннего и развитого Средневековья. Она демонстрирует значительную генетическую дистанцию от Левенлухты. Общее распределение митохондриальных гаплогрупп в Луистари было больше похоже на современное европейское население.

Два самых восточных памятника, Хиитола и Тууккала, оказались генетически далекими от западных Левенлухта и Холлола. Неолитический сигнал в генофонде мтДНК древних финнов в целом был гораздо сильнее на востоке. В восточных стоянках также присутствуют редкие субгаплогруппы U1 (hg U1b2 в Хиитоле) и U8 (hg U8b1a2b в Тууккале), нетипичные для современных финнов [Översti et al., 2019].

Генезис современных финнов пока остается еще не полностью ясным на современном уровне доступности археогенетических данных.

Северные регионы Фенноскандии и Кольского полуострова в зоне проживания древних и современных саамов также изучены недостаточно, но известно, что древнее и современное саамское население региона генетически отлично от современных и древних финнов [Lamnidis et al., 2018]. Доступных для исследования находок ДНК описанного периода с данной территории пока нет. Древнейшее население, которое исследовано методами археогенетики – обитатели Большого Оленьего острова (середина – третья четверть II тыс. до н.э.). Затем после длительного временного разрыва присутствуют геномные данные могильника исторических саамов из Чалмни Варрэ – 2 образца, которые датируются XVIII–XIX вв. [Lamnidis et al., 2018]. Они генетически идентичны современным саамам, отличаются от современных финнов и близки древнему населению Левенлухты (описанному выше). Население Большого Оленьего острова также не обнаруживает такой близости к финнам и современным прибалтийским популяциям, за счет более высокой доли западносибирского компонента, и, как отмечено выше, может иметь несколько иной генезис, чем население прибалтийско-финских популяций [Lamnidis et al., 2018].

Видимо, население Кольского полуострова и северной Фенноскандии развивалось в изоляции от описанных в данном обзоре популяционных процессов. Популяции этой территории, вероятно, не были затронуты описанной трансформационной динамикой. Схожее с ними саамское население северной Скандинавии ограниченно влияло только на крайние северные группы норвежцев эпохи викингов [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020].

### **Изменение генофонда Скандинавии, Балтии и Северной Руси после окончания эпохи викингов**

Анализ образцов ДНК из захоронений развитого Средневековья – Нового времени и сопоставление с обширными современными геномными данными позволил сделать следующие выводы о популяционных изменениях на изучаемой территории после эпохи викингов.

В Скандинавии население изменяется за счет мигрантов с востока, юга и запада. Поэтому генофонд скандинавов после эпохи викингов не возвращается к том облику, который был характерен для него в довикингский период [Rodriguez-Varela et al., 2023; Margaryan et al., 2020]. При этом доля генетического вклада мигрантов в целом снижается за счет уменьшения доли пришельцев из Британии, Восточной Балтии, Финляндии и Южной Европы во всех областях Скандинавии. Особенно сильно снижается вклад выходцев из Восточной Балтии, который достигает значений довикингского времени, тогда как влияние выходцев с Британских островов, хотя и заметно снижается, но остается ощутимо выше, чем в довикингское время [Rodriguez-Varela et al., 2023]. Его составили, по-видимому, потомки выходцев из Британии, которые переселились в Скандинавию в эпоху викингов, но с течением времени уменьшили свой вклад в генофонде.

Современные скандинавы генетически схожи и составляют одно целое с теми популяциями, которые обрели свой облик после окончания эпохи викингов [Rodriguez-Varela et al., 2023].

Существование еще в эпоху викингов слабо затронутых популяционными изменениями анклавов во внутренних районах Скандинавии, высокая мобильность населения в прибрежных районах, и то, что основная доля материала ДНК собрана с приморских территорий, делает обоснованным предположение о том, что доля генетического вклада иноземцев снизилась за счет переселения на активные в экономическом и демографическом отношении побережья местных жителей из внутриматериковой «скандинавской глубинки».

Схожая ситуация поглощения скандинавских мигрантов происходила на северо-западе Руси и в средневековой Балтии в силу того, что современное население этих областей ближе друг другу, а



не средневековым и современным жителям Швеции или Дании [Kushniarevich et al., 2015; Khrunin et al., 2013]. Однако детали этого процесса требуют уточнения.

История популяционных сдвигов в Финляндии восстанавливается пока намного хуже, но несомненно, что местное население их испытало. Население, генетически близкое современным финнам, распространялось с юга на север. Самый север страны они заселили уже на исходе Средневековья и в Новое время, но эти процессы могли начаться и раньше, в эпоху викингов или до нее [Lamnidis et al., 2018]. Точная периодизация и характер этих переселений требует уточнения, как и степень присутствия здесь скандинавов в эпоху викингов и феномен населения Левенлухты.

В Волго-Окском междуречье скандинавское влияние, в отличие от Гнездова и северо-запада Руси, не обнаруживается, что говорит или о его отсутствии, или о его незначительном вкладе и быстром поглощении [Peltola et al., 2023].

Волго-Окское междуречье было затронуто другим внутренним популяционным процессом. В позднем Средневековье, ориентировочно после XIII в. (более точную границу уточняют или сдвигают новые данные), началось смешение пришлых славянских и более ранних финно-угорских групп, которые до этого здесь сосуществовали с X по XIII в. Более поздние могильники XIV–XVIII вв. свидетельствуют о том, что произошло слияние двух групп. Оно происходило за счет поглощения потомками славянских пришельцев потомков местных финно-угров, где потомки славян преобладали, оставив 70% генетического вклада. При этом 30% со стороны финно-угров определили современное своеобразие населения Волго-Окского междуречья и за счет присутствия западносибирского компонента отделили их от современных белорусов и украинцев [Peltola et al., 2023]. Вероятно, процессы популяционного и культурного сосуществования славянского и финно-угорского населения в Волго-Окском междуречье напоминали схожие процессы на крайнем северо-западе Руси, с той лишь разницей, что там до Нового времени сохранились анклавы местных финно-угров – води, ижоры и др.

### Ключевые выводы

Во второй половине I – начале II тыс. н.э. население всей указанной территории от Скандинавии до Волго-Окского междуречья испытало существенную популяционную трансформацию, выявляемую генетическими методами.

В частности, Скандинавия стала более интегрирована, произошло сближение ее отдельных регионов, с широким распространением выходцев из Дании. В Скандинавию активно проникали выходцы из иных регионов: с запада – из Британии, с востока – из Балтии, с севера – со стороны популяций, близких саамам, с юга – из южной Европы. Процессы смешения были активнее в прибрежных

областях, тогда как внутренние области Скандинавии были намного меньше затронуты трансформациями, сохраняя анклавы популяций с обликом довикингской эпохи.

Население Скандинавии не только вбирало мигрантов извне, но и само влияло на другие территории. На некоторых территориях (напр., в Исландии, отдельных районах Британских островов) оно оставило свой след даже в современном населении. На других оно было поглощено, например, на Руси, в Прибалтике и на Оркнейских островах.

В эпоху викингов в Балтии, северо-западной Руси (Старой Ладоге), в Гнездове присутствовало скандинавское население преимущественно из Швеции, но также, возможно, из Дании (носители датского генетического компонента, распространившегося по Скандинавии в эпоху викингов, могли быть выходцами из различных ее регионов). На территории Волго-Окского междуречья скандинавское население не выявляется.

К эпохе викингов на севере Фенноскандии местные популяции были близки современным саамам. К ним генетически близко население, оставившее захоронение в Левенлухте, Южная Остроботния, Финляндия. Современные финны отличны от населения Левенлухты. При этом в эпоху викингов население, близкое современным финнам, влияло на жителей побережья Швеции. Взятые вместе, эти факты означают перемещение населения в западных областях Финляндии в период, перекрывающийся с эпохой викингов. Его причины, охват и динамика требуют уточнения.

К моменту прихода викингов на территорию Восточно-Европейской равнины здесь происходило взаимодействие групп славянских пришельцев и местных финно-угров, изначально отличных друг от друга в популяционном отношении. Славянские пришельцы были ближе современным группам восточных славян, будучи менее схожи со славянами западными.

Взаимодействие популяций славян и западных финно-угров отличалась в разных зонах их пересечения. В Волго-Окском междуречье эти группы длительно сосуществовали до XIII в. В древнерусских могильниках окрестностей Белоозера в материнских линиях доминирует пришлый европейский компонент, влияния финно-угорских популяций не прослежено, но этот вывод нуждается в проверке по аутосомным и Y-хромосомным маркерам. В западной Ингрии (на Ижорском плато и в Нижнем Полужье) продолжали сохраняться популяции финно-угров с предположительно дославянским обликом генофонда.

Окончание миграционной активности эпохи викингов привело к генетическому поглощению мигрантов из иных регионов местными жителями внутренних районов Скандинавии, а за пределами Скандинавии – к поглощению скандинавов (кроме Исландии и некоторых территорий Британских островов).

В Волго-Окском междуречье после XIII в. потомки славянских колонистов поглощают потомков местных финно-угорских популяций. Это смешение генофондов привело к некоторому удалению современных русских популяций данного региона от белорусов и украинцев.

Некоторые анклавы финно-угорских популяций продолжали сохраняться, например, на Ижорском плато.

Экономически активные зоны вдоль речных артерий и приморских областей в эпоху викингов и позже также могли отличаться в популяционно-генетическом отношении от окружающего их населения. Их популяционный состав мог включать компоненты из множества разных, удаленных от данной территории регионов. Такое вполне возможно допустить и в случае взаимоотношения славянского и неславянского населения в ряде узловых территорий.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Андрошук Ф.А.* Скандинавские древности в социальной топографии древнего Киева // *Ruthenica*. 2004. №3. С. 7–47.
- Долженко Ю.В.* До антропології похованих у Чернігівському некрополі Х–XIII ст. // Наукові записки з української історії: збірник наукових статей. Вип. 26 / Отв. ред. В.П. Коцур. Переяслав-Хмельницький: Переяслав-Хмельницький ДПУ, 2011. С. 48–75.
- Зоценко В.Н.* Скандинавские древности и топография Киева «дружинного периода» // *Ruthenica*. 2003. №2. С. 26–52.
- Клейн Л.С., Балановская Е.В.* Этногенез и синтез наук. Генофонд.рф, 2015. [https://генофонд.рф/?page\\_id=513](https://генофонд.рф/?page_id=513)
- Коваленко В.П., Моця А.П., Сытый Ю.Н.* Новейшие скандинавские находки в погребениях Шестовицы // Скандинавские древности Южной Руси / Отв. ред. К. Цукерман. Париж: АСНСВуз, 2012. С. 321–350.
- Колпаков Е.М., Мурашкин А.И., Хартанович В.И., Шумкин В.Я.* Кольский Оленеостровский могильник: 1925–2013. СПб.; Вологда: Древности севера, 2019. 480 с. DOI: <https://doi.org/10.31600/978-5-93061-149-6>
- Куликов Е.Е., Бужилова А.П., Полтараус А.Б.* Молекулярно-генетическая характеристика средневековых популяций с территории русского севера // *Генетика*. 2004. Т. 40. №1. С. 5–14.
- Кураев И.В.* Историография варяжского вопроса (по исследованиям погребений Гнёздова) // Археологический сборник. Гнёздово. 125 лет исследования памятника / Отв. ред. В.В. Мурашева. М.: ГИМ, 2001. С. 27–33. (Труды ГИМ. Вып. 124)
- Лесман Ю.М.* Хронологическая периодизация курганов Ижорского плато // Северная Русь и ее соседи в эпоху раннего Средневековья / Отв. ред. А.Д. Столяр. Л.: ЛГУ, 1982. С. 65–74.
- Мальшичева Н.Н.* Раннегородской некрополь древнего Пскова (по материалам раскопок на территории Среднего города) // Древнерусский некрополь Пскова X – начала XI века. Т. 1 / Отв. ред. И.К. Лабутина. СПб.: Нестор-история, 2012. С. 26–90.
- Михайлов К.А.* Элитарный погребальный обряд Древней Руси. Камерные погребения IX – начала XI века в контексте североамериканских аналогий. СПб.: Бранко, 2016. 272 с.
- Моця О.П., Скороход В.М.* Протоміста Подсення в процесі одержавлення регіону. Випуск 1. Шестовицький археологічний комплекс. Київ; Чернігів: ІА НАНУ, 2020. 228 с.
- Мустафин Х.Х., Альборова И.Э., Стасюк И.В.* Средневековый генофонд Водской земли Великого Новгорода // *Stratum Plus*. 2021. №5. С. 397–410. DOI: <https://doi.org/10.55086/sp215397410>
- Платонова Н.И., Санкина С.Л.* Стратиграфия верхних горизонтов Земляного городища Старой Ладogi и грунтовый могильник у церкви св. Климента (по материалам раскопок 1938–1940 гг.) // Новое в археологии Старой Ладogi. Материалы и исследования / Отв. ред. Н.И. Платонова, В.А. Лапшин. СПб.: Невская кн. типография, 2018. С. 66–134. (Труды ИИМК РАН. Т. LIII). DOI: <https://doi.org/10.31600/978-5-907053-10-6>
- Рябинин Е.А.* Финно-угорские племена в составе Древней Руси. СПб.: СПбГУ, 1997. 260 с.
- Рябинин Е.А.* Водская земля Великого Новгорода. СПб.: Дмитрий Буланин, 2001. 261 с.
- Санкина С.Л.* Этническая история средневекового населения Новгородской земли по данным антропологии. Saarbrücken: Lambert Academic Publishing, 2012. 207 с.
- Седых В.Н.* Скандинавский компонент в материалах Тимеревского археологического комплекса // Вторая межрегион. конф. «Археология: история и перспективы». Ярославль, 19–21 октября 2004 года. Ярославль: Ярославский музей-заповедник, 2006. С. 451–459.
- Стасюк И.В.* Появление курганного обряда на Ижорском плато и древнерусская колонизация // Записки ИИМК РАН. 2022. Вып. 26. С. 126–138. DOI: <https://doi.org/10.31600/2310-6557-2022-26-126-138>
- Стасюк И.В.* Могильники с кремациями эпохи викингов между Нарвой и Волховом (к вопросу о предкурганной культуре X–XI вв. и происхождения воды) // Археологические вести. 2023. Вып. 39. С. 220–242. DOI: <https://doi.org/10.31600/1817-6976-2023-39-220-242>
- Стасюк И.В., Мустафин Х.Х., Альборова И.Э.* «Славянская колонизация» Водской земли: историография, проблемы, новые подходы // *Stratum Plus*. 2020. №5. С. 347–361.
- Хвоцинская Н.В.* Этногенез и историческая судьба воды // Археологические вести. 2023. Вып. 39. С. 204–219. DOI: <https://doi.org/10.31600/1817-6976-2023-39-204-219>
- Allentoft M.E. et al.* Population genomics of Bronze Age Eurasia // *Nature*. 2015. Iss. 522 (7555). P. 167–172. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Coutinho A. et al.* The Neolithic Pitted Ware culture foragers were culturally but not genetically influenced by the Battle Axe culture herders // *American Journal of Physical Anthropology*. 2020. Vol. 172. Iss. 4. P. 638–

649. DOI: <https://doi.org/10.1002/ajpa.24079>

*Ebenesersdóttir S.S. et al.* Ancient genomes from Iceland reveal the making of a human population // *Science*. 2018. №360(6392). P.1028–1032. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aar2625>

*Gilbert E. et al.* The Irish DNA Atlas: Revealing Fine-Scale Population Structure and History within Ireland // *Scientific Reports*. 2017. №7(1). 17199. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17124-4>

*Gopalakrishnan S. et al.* The population genomic legacy of the second plague pandemic // *Current Biology*. 2022. №32(21). P.4743–4751. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.09.023>

*Haak W. et al.* Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe // *Nature*. 2015. №522(7555). P.207–211. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/nature14317>

*Illumäe A-M. et al.* Human Y Chromosome Haplotype N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families // *American journal of human genetics*. 2016. Vol.99. Iss.1. P.163–173. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>

*Kerminen S. et al.* Fine-scale genetic structure in Finland // *G3 Genes Genomes Genetics*. 2017. Vol.7. Iss.10. P.3459–3468. DOI: <https://doi.org/10.1534/g3.117.300217>

*Khrunin A.V. et al.* A genome-wide analysis of populations from European Russia reveals a new pole of genetic diversity in northern Europe // *PLoS One*. 2013. 8(3): e58552. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0058552>

*Klejn L.S. et al.* Discussion: Are the Origins of Indo-European Languages Explained by the Migration of the Yamnaya Culture to the West? // *European Journal of Archaeology*. 2017. Vol.21. Iss.1. P.1–15. DOI: <https://doi.org/10.1017/eea.2017.35>

*Krzewińska M. et al.* Genomic and strontium isotope variation reveal immigration patterns in a Viking Age town // *Current Biology*. 2018. Vol.28. Iss.17. P.2730–2738. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.06.053>

*Kushniarevich A. et al.* Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: a synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-Chromosomal data // *PLoS One*. 2015. 10(9): e0135820. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135820>

*Lamnidis T.C. et al.* Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe // *Nature Communications*. 2018. 9(1): 5018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5>

*Margaryan A. et al.* Population genomics of the Viking world // *Nature*. 2020. 585(7825). P.390–396. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>

*Mitnik A. et al.* The genetic prehistory of the Baltic Sea region // *Nature Communications*. 2018. 9(1): 442. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>

*Översti S. et al.* Identification and analysis of mtDNA genomes attributed to Finns reveal long-stagnant demographic trends obscured in the total diversity // *Scientific Reports*. 2017. 7(6193). DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05673-7>

*Översti S. et al.* Human mitochondrial DNA lineages in Iron-Age Fennoscandia suggest incipient admixture and eastern introduction of farming-related maternal ancestry // *Scientific Reports*. 2019. 9(1): 16883. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51045-8>

*Palo J.U., Ulmanen I., Lukka M., Ellonen P., Sajantila A.* Genetic markers and population history: Finland revisited // *European journal of human genetics*. 2009. 17(10). P.1336–1346. DOI: <https://doi.org/10.1038/ejhg.2009.53>

*Pinhasi R. et al.* The Neolithic Transition in the Baltic Was Not Driven by Admixture with Early European Farmers // *Current Biology*. 2017. Vol.27. Iss.4. P.576–582. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2016.12.060>

*Peltola S. et al.* Genetic admixture and language shift in the medieval Volga-Oka interfluvies // *Current Biology*. 2023. Vol.33. Iss.1. P.174–182. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.036>

*Rodríguez-Varela R. et al.* The genetic history of Scandinavia from the Roman Iron Age to the present // *Cell*. 2023. Vol.186. Iss.1. P.32–46. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.024>

*Saag L. et al.* Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain // *Science Advances*. 2021. 7(4): eabd6535. DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd6535>

*Saag L. et al.* The Arrival of Siberian Ancestry Connecting the Eastern Baltic to Uralic Speakers further East // *Current Biology*. 2019. Vol.29. Iss.1. P.1701–1711. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>

*Saag L. et al.* Extensive Farming in Estonia Started through a Sex-Biased Migration from the Steppe // *Current Biology*. 2017. Vol.27. Iss.14. P.2185–2193. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.06.022>

*Sharko F.S., Boulygina E.S., Tsygankova S.V. et al.* Koban culture genome-wide and archeological data open the bridge between Bronze and Iron Ages in the North Caucasus // *European journal of human genetics*. 2024. <https://doi.org/10.1038/s41431-023-01524-4>

*Skoglund P. et al.* Genomic diversity and admixture differs for Stone-Age Scandinavian foragers and farmers // *Science*. 2014. Vol.344(6185). P.747–750. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1253448>

*Tambets K. et al.* Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations // *Genome Biology*. 2018. 19(1): 139. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>

## REFERENCES

Androshchuk, F.A. 2004, “Scandinavians and the social topography of Viking Age Kiev, *Ruthenica*, no.3, pp.7–47. (In Russ.)

Dolzhenko, Yu.V. 2011, “Buried to anthropology In Chernihiv Necropolis X–XIII centuries”, *Naukovi*

*zapiski z ukrains'koï istorii: zbirnik naukovih statej. Vip. 26* (“Scientific notes on Ukrainian history: a collection of scientific articles. Iss.26”), Pereyaslav-Khmel'nitsky PDU, Pereyaslav-Khmel'nitsky, pp.48–75. (In Ukrainian)



- Zotsenko, V.N. 2003, "Scandinavian antiquities and topography of Kiev of the "druzhin period", *Ruthenica*, no. 2, pp. 26–52. (In Russ.)
- Klein, L.S., Balanovskaya, E.V. 2015, *Ethnogenesis and synthesis of sciences*. Genofond.rf, [https://genofond.rf/?page\\_id=513](https://genofond.rf/?page_id=513) (In Russ.)
- Kovalenko, V.P., Motsia, A.P., Syty, Yu.N. 2012, "Most recent Scandinavian finds in Shestovytsya burials", *Skandinavskie drevnosti Yuzhnoj Rusi*", *Scandinavian antiquities of Southern Russia*, ACHCByz, Paris, pp. 321–350. (In Russ.)
- Kolpakov, E.M., Murashkin, A.I., Khartanovich, V.I., Shumkin, V.Ya. 2019, *Kola Oleneostrovsky cemetery: 1925–2013*. Drevnosti Severa, St. Petersburg, Vologda, 480 p. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31600/978-5-93061-149-6>
- Kuraev, I.V. 2001, "Historiography of the Varangian question (according to the research of Gnezdov's burials)", *Arheologicheskij sbornik. Gnyozdovo. 125 let issledovaniya pamyatnika* ("Archaeological collection. Gnezdovo. 125 years of monument research"), GIM, Moscow, pp. 27–33. (Proceedings of the GIM. Iss. 124). (In Russ.)
- Lesman, Yu.M. 1982, "Chronological periodization of the mounds of the Izhora plateau", *Severnaya Rus' i ee sosedi v epohu rannego Srednevekov'ya* ("Northern Russia and its neighbors in the Early Middle Ages"), LGU, Leningrad, pp. 65–74. (In Russ.)
- Malysheva, N.N. 2012, "Early city necropolis of ancient Pskov (based on the materials of excavations on the territory of the Middle city)", *Drevnerusskij nekropol' Pskova X – nachala XI veka. T. 1* ("Ancient Russian necropolis of Pskov of the X – beginning of the XI century. Vol. 1"), Nestor-istoriya, St. Petersburg, pp. 26–90. (In Russ.)
- Mikhailov K.A. 2016, *Elite Funeral Rite of Ancient Russia: Chamber-graves of late 9<sup>th</sup> – 11<sup>th</sup> centuries in the context of North European analogies*. Branko, St. Petersburg, 272 p. (In Russ.)
- Motsa, O.P., Skorokhod, V.M. 2020, *Proto-towns of Podeseenie in the process of nationalization of the region. Iss. 1. Shestovitsky archaeological complex*. IA NANU, Kiev, Chernigov, 228 p. (In Ukrainian)
- Mustafin, H.H., Alborova, I.E., Stasyuk, I.V. 2021, "Medieval Gene Pool of the Vod' Land of Novgorod the Great", *Stratum Plus*, no. 5, pp. 397–410. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.55086/sp215397410>
- Platonova, N.I., Sankina, S.L. 2018, "Stratigraphy of the upper horizons of Zemlyanoye gorodishche and the cemetery near St. Clement Church (excavations of 1938–1940)", *Novoe v arheologii Staroj Ladogi. Materialy i issledovaniya* ("Advance in archaeology of Staraya Ladoga: materials and studies"), Nevsky Book Printing House, St. Petersburg, pp. 66–134. (Proceedings of the IIMC RAN. Vol. LIII). (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31600/978-5-907053-10-6>
- Ryabinin, E.A. 1997, *Finno-Ugric tribes as part of Ancient Russia*. SPbGU, St. Petersburg, 260 p. (In Russ.)
- Ryabinin, E.A. 2001, *The Vodskaya land of Novgorod the Great*. Dmitry Bulanin, St. Petersburg, 261 p. (In Russ.)
- Sankina, S.L. 2012, *The ethnic history of medieval Novgorod (based on craniometric data)*. Lambert Academic Publishing, Saarbrücken, 207 p. (In Russ.)
- Sedykh, V.N. 2006, "The Scandinavian component in the materials of the Timerevsky archaeological complex", *Vtoraya mezhhregional'naya konferenciya «Arheologiya: istoriya i perspektivy»*. Yaroslavl, 19–21 oktyabrya 2004 goda ("Archeology: history and prospects. The second interregional conference "Archeology: History and Prospects". Yaroslavl, October 19–21, 2004"), Yaroslavl Museum-Reserve, Yaroslavl, pp. 451–459. (In Russ.)
- Stasyuk, I.V. 2022, "Appearance of the barrow rite on the Izhora plateau and the old Russian colonization", *Transactions of the Institute for the History of Material Culture*, iss. 26, pp. 126–138. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31600/2310-6557-2022-26-126-138>
- Stasyuk, I.V. 2023, "Burial grounds with cremations of the Viking Age between the Narva and Volkhov Rivers (to the question of the pre-Kurgan culture of the 10<sup>th</sup>–11<sup>th</sup> centuries and the origin of the Vod)", *Archaeological news*, iss. 39, pp. 220–242. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31600/1817-6976-2023-39-220-242>
- Stasyuk, I.V., Mustafin, H.H., Alborova, I.E. 2020, "Slavic colonization" of the Vod' land: historiography, problems, new approaches", *Stratum Plus*, no. 5, pp. 347–361. (In Russ.)
- Khvoshchinskaya, N.V. 2023, "Ethnogenesis and the historical fate of vod'", *Archaeological news*, iss. 39, pp. 204–219. (In Russ.) DOI: <https://doi.org/10.31600/1817-6976-2023-39-204-219>
- Allentoft, M.E. et al. 2015, "Population genomics of Bronze Age Eurasia", *Nature*, iss. 522 (7555), pp. 167–172. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Coutinho, A. et al. 2020, "The Neolithic Pitted Ware culture foragers were culturally but not genetically influenced by the Battle Axe culture herders", *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 172, iss. 4, pp. 638–649. DOI: <https://doi.org/10.1002/ajpa.24079>
- Ebenesersdóttir, S.S. et al. 2018, "Ancient genomes from Iceland reveal the making of a human population", *Science*, no. 360 (6392), pp. 1028–1032. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aar2625>
- Gilbert, E. et al. 2017, "The Irish DNA Atlas: Revealing Fine-Scale Population Structure and History within Ireland", *Scientific Reports*, no. 7 (1), 17199. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17124-4>
- Gopalakrishnan, S. et al. 2022, "The population genomic legacy of the second plague pandemic", *Current Biology*, no. 32 (21), pp. 4743–4751. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.09.023>
- Haak, W. et al. 2015, "Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe", *Nature*, no. 522 (7555), pp. 207–211. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/nature14317>
- Illumäe, A.-M. et al. 2016, "Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families", *American journal of human genetics*, vol. 99, iss. 1, pp. 163–173. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
- Kerminen, S. et al. 2017, "Fine-scale genetic structure in Finland", *G3 Genes Genomes Genetics*, vol. 7, iss. 10, pp. 3459–3468. DOI: <https://doi.org/10.1534/g3.117.300217>
- Khrunin, A.V. et al. 2013, "A genome-wide analysis of populations from European Russia reveals a new pole of genetic diversity in northern Europe", *PLoS*

*One*, 8(3):e58552. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0058552>

Klejn, L.S. et al. 2017, “Discussion: Are the Origins of Indo-European Languages Explained by the Migration of the Yamnaya Culture to the West?”, *European Journal of Archaeology*, vol. 21, iss. 1, pp. 1–15. DOI: <https://doi.org/10.1017/eea.2017.35>

Krzewińska, M. et al. 2018, “Genomic and strontium isotope variation reveal immigration patterns in a Viking Age town”, *Current Biology*, vol. 28, iss. 17, pp. 2730–2738. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.06.053>

Kulikov, E.E., Buzhilova, A.P., Poltarau, A.B. 2004, “Molecular Genetic Characteristics of Medieval Populations of the Russian North”, *Russian Journal of Genetics*, vol. 40, pp. 1–9. DOI: <http://dx.doi.org/10.1023/B:RUGE.0000013442.10670.30>

Kushniarevich, A. et al. 2015, “Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: a synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-Chromosomal data”, *PLoS One*, 10(9):e0135820. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135820>

Lamnidis, T.C. et al. 2018, “Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe”, *Nature Communications*, 9(1):5018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5>

Margaryan, A. et al. 2020, “Population genomics of the Viking world” *Nature*, 585(7825), pp. 390–396. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>

Mitnik, A. et al. 2018, “The genetic prehistory of the Baltic Sea region”, *Nature Communications*, 9(1):442. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>

Översti, S. et al. 2017, “Identification and analysis of mtDNA genomes attributed to Finns reveal long-stagnant demographic trends obscured in the total diversity”, *Scientific Reports*, 7(6193). DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05673-7>

Översti, S. et al. 2019, “Human mitochondrial DNA lineages in Iron-Age Fennoscandia suggest incipient admixture and eastern introduction of farming-related maternal ancestry”, *Scientific Reports*, 9(1):16883. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51045-8>

Palo, J.U., Ulmanen, I., Lukka, M., Ellonen, P., Sajantila, A. 2009, “Genetic markers and population history: Finland revisited”, *European journal of human genetics*, 17(10), pp. 1336–1346. DOI: <https://doi.org/10.1038/ejhg.2009.53>

Pinhasi, R. et al. 2017, “The Neolithic Transition in the Baltic Was Not Driven by Admixture with Early European Farmers”, *Current Biology*, vol. 27, iss. 4, pp. 576–582. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2016.12.060>

Peltola, S. et al. 2023, “Genetic admixture and language shift in the medieval Volga-Oka interfluves”, *Current Biology*, vol. 33, iss. 1, pp. 174–182. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.036>

Rodríguez-Varela, R. et al. 2023, “The genetic history of Scandinavia from the Roman Iron Age to the present”, *Cell*, vol. 186, iss. 1, pp. 32–46. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.024>

Saag, L. et al. 2021, “Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain”, *Science Advances*, 7(4):eabd6535. DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd6535>

Saag, L. et al. 2019, “The Arrival of Siberian Ancestry Connecting the Eastern Baltic to Uralic Speakers further East”, *Current Biology*, vol. 29, iss. 1, pp. 1701–1711. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>

Saag, L. et al. 2017, “Extensive Farming in Estonia Started through a Sex-Biased Migration from the Steppe”, *Current Biology*, vol. 27, iss. 14, pp. 2185–2193. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.06.022>

Sharko, F.S., Boulygina, E.S., Tsygankova, S.V. et al. 2024, “Koban culture genome-wide and archeological data open the bridge between Bronze and Iron Ages in the North Caucasus”, *European journal of human genetics*. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41431-023-01524-4>

Skoglund, P. et al. 2014, “Genomic diversity and admixture differs for Stone-Age Scandinavian foragers and farmers”, *Science*, vol. 344(6185), pp. 747–750. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1253448>

Tambets, K. et al. 2018, “Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations”, *Genome Biology*, 19(1):139. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>

### Сведения об авторах

**Андрей Сергеевич Коньков**, кандидат биологических наук, Центр палеоэтнологических исследований, Российская Федерация, г. Москва. E-mail: [andrey.s.konkov@gmail.com](mailto:andrey.s.konkov@gmail.com), ORCID: 0000-0001-8322-5835

**Иван Вадимович Стасюк**, Центр палеоэтнологических исследований, Российская Федерация, г. Москва; Институт истории материальной культуры РАН, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация. E-mail: [norroendrengr@mail.ru](mailto:norroendrengr@mail.ru), ORCID: 0000-0003-2507-2572

### Information About the Authors

**Andrey S. Konkov**, Ph.D., Paleoethnology research center, Russian Federation, Moscow. E-mail: [andrey.s.konkov@gmail.com](mailto:andrey.s.konkov@gmail.com), ORCID: 0000-0001-8322-5835

**Ivan V. Stasyuk**, Paleoethnology research center, Russian Federation, Moscow; Institute for the History of Material Culture, Russian Academy of Sciences, Russian Federation, St. Petersburg. E-mail: [norroendrengr@mail.ru](mailto:norroendrengr@mail.ru), ORCID: 0000-0003-2507-2572