

Генофонды татар Евразии: объединять нельзя разделять

[Анастасия Агджоян](#), [Надежда Маркина](#)

Исследование Y-хромосомы у разных групп татар опровергает гипотезу об общем происхождении их генофондов

Генофонды популяций с этнонимом «татары» трех регионов Евразии — крымские, поволжские и сибирские — исследованы путем анализа Y-хромосомы. Этнотерриториальные группы татар оказались генетически очень разнообразны. В генофонде поволжских татар преобладают генетические варианты, характерные для Приуралья и Северной Европы; в генофонде крымских татар преобладает вклад переднеазиатского и средиземноморского населения; популяции сибирских татар наиболее разнообразны: одни включают значительный сибирский генетический компонент, в других преобладают генетические линии из юго-западных регионов Евразии. Таким образом, гипотеза об общем происхождении разных групп татар не подтвердилась, и запятую в заголовке следует поставить после слова «нельзя».

В журнале «Вестник Московского университета», серия «Антропология», опубликована статья Е.В.Балановской, А.Т.Агджоян и др. с анализом генофондов татар Евразии, а именно, трех этнотерриториальных групп – поволжских, сибирских и крымских татар. Народы с этнонимом «татары» всегда обращали на себя внимание в этнической разнообразии России: они широко расселены по территории, объединенные принадлежностью их языков к тюркской лингвистической ветви и исламским вероисповеданием (за исключением одной из групп татар Поволжья — православных кряшен).

У этнонима «татары» причудливая судьба. Предполагается, что он имеет китайское происхождение: китайцы называли «да-да» или «та-та» одно из племен, жившее на границе современных Монголии и Китая. Это племя было почти целиком уничтожено Чингисханом, но его имя оказалось перенесено на всех монголов и тюрков-кочевников, входивших в состав монгольских войск. Возможно, это связано с ассоциацией у европейцев с древнегреческим *Tártaros* (Тартар, ад), отчего этот термин в Европе обозначал вообще всех восточных варваров. На большинстве европейских карт все земли, подвластные Золотой Орде, включая Русь, назывались Тартарией или Татарией. Затем этноним татары остался за всеми тюрками Восточной Европы, Кавказа, Урала, Западной и Средней Сибири. В русских летописях татарами назывались все мусульманские народы.

Согласно одной из популярных гипотез, все этнотерриториальные группы татар являются осколками некогда единой средневековой общности, а Золотая Орда — первоначальным государством всех татар. Согласно другой версии — болгаро-татарской — формирование разных групп татар Евразии происходило на основе местного населения с заимствованием тюркского языка и культурных особенностей. Одним из актуальных подходов для решения проблемы происхождения татар могут стать исследования их генофондов. До сих пор генетическая история татар Евразии оставалась за рамками научных исследований из-за исключительного многообразия разных групп. Были известны только те или иные генетические данные по отдельным популяциям, но никогда их «генетические портреты» не сопоставлялись в пределах всей Евразии. Это первое обобщающее исследование генофондов татар.

Генетические портреты

Обследование генофондов крымских, поволжских и сибирских татар проводилось с 2006 по 2014 гг. в ходе комплексных экспедиций Медико-генетического научного центра, Института общей генетики, Харьковского национального университета им. В.Н. Каразина, Кемеровского государственного университета и Тобольского пединститута по единой технологии под руководством Е.В. Балановской. Собранные образцы ДНК были генотипированы по 50 SNP-маркерам Y-хромосомы методом ПЦР в реальном времени с применением TaqMan зондов. Для сравнения Y-хромосомных генофондов использовалась база данных «Y-base», разработанная под руководством О.П. Балановского.

Генетические портреты крымских, поволжских и сибирских татар (Рис. 1) выявили значительное разнообразие генофонда татар каждого региона, отсутствие какой-либо доминирующей линии Y-хромосомы и существенные различия между всеми тремя генетическими портретами.

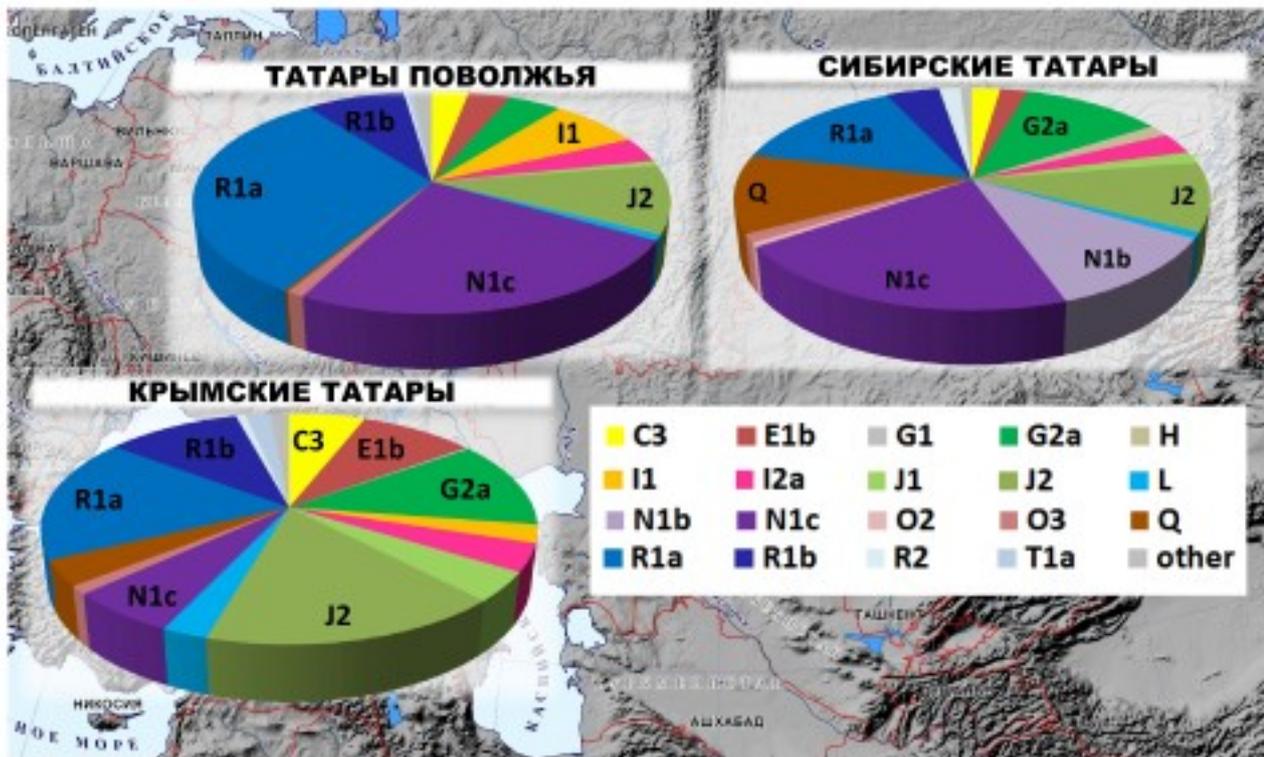


Рис. 1. «Генетические портреты» татар трех регионов Евразии по спектру гаплогрупп Y-хромосомы. Примечания. Изучены следующие гаплогруппы (после дефиса указан генетический маркер гаплогруппы): C3-M217; E1b1b1-M35; G1-M285; G2a-P15; H-M69; I1-M253; I2a-P37.2; J1-M267; J2-M172; L-M20; N1b-P43; N1c-LLY22g; O2-P31; O3-M122; Q-M242; R1a-M198; R1b-M343; R2-M124; T1a-M70

КРЫМСКИЕ ТАТАРЫ. Заметной чертой генофонда крымских татар является высокая доля (около половины) южных (E1b1b1-M35; G1-M285; G2a-P15; I2a-P37.2; J1-M267; J2-M172) и небольшая доля восточных (C3-M217, O3-M122; Q-M242) по своему происхождению и современному распространению гаплогрупп Y-хромосомы. Остальная часть разнообразия распределена между паневразийской гаплогруппой R1a-M198 и родственной ей R1b-M343 и несколькими минорными вариантами. Таким образом, генетический портрет крымских татар задан преобладающим вкладом средиземноморских и переднеазиатских линий с небольшой (около 10%) долей восточных (в основном, центральноазиатских) гаплогрупп Y-хромосомы.

ПОВОЛЖСКИЕ ТАТАРЫ. Их генофонд отличает несколько меньшее разнообразие Y-хромосомных линий, чем у крымских и сибирских татар. Две гаплогруппы — R1a-M198 и N1c-LLY22g — составляют суммарно около половины генофонда (49%). Ареал гаплогруппы R1a-M198 охватывает практически всю западную половину Евразийского материка, хотя максимальные её частоты характерны для популяций Восточной Европы. Обширен ареал и у второй частой у поволжских татар гаплогруппы — N1c-LLY22g, которая тянется широким поясом от Прибалтики на западе до Чукотки на востоке, от приполярной тундры на севере до степей Евразии на юге. Таким образом, генетический портрет поволжских татар определяется высоким вкладом гаплогрупп, наиболее частых в Восточной Европе и Приуралье, заметно меньшей долей южных вариантов и очень слабым восточно-евразийским следом.

СИБИРСКИЕ ТАТАРЫ. В генофонде сибирских татар наиболее частыми гаплогруппами оказались G2a-P15; N1c-LLY22g; R1a-M198; N1b-P43 и Q-M242. Доля типичных сибирских гаплогрупп N1b-P43 и Q-M242 составляет около четверти генофонда сибирских татар. Более трети их генофонда приходится на долю паневразийских гаплогрупп N1c-LLY22g и R1a-M198. Таким образом, основные составляющие генофонда сибирских татар связаны с Сибирью и северной полосой Евразии. Юго-западный генетический след характерен только для отдельных субэтносов сибирских татар — якутов и бурятов.

Татары в генетическом пространстве Евразии

Генофонд трех изученных групп татар разместили в генетическом пространстве Евразии. На графике многомерного шкалирования (Рис. 2) популяции Северной Евразии сформировали пять кластеров преимущественно в согласии с их региональным положением. В «средиземноморский» кластер объединились греки, турки и азербайджанцы. «Северокавказский» кластер включил абхазов, балкарцев, кабардинцев, карачаевцев и черкесов. В этот «урало-каспийский» кластер вошли башкиры, караногайцы, кубанские ногайцы и поволжские татары. «Центральноазиатский» кластер объединил генофонды казахов, каракалпаков, киргизов и монголов. «Сибирский» кластер включил хакасов и северных алтайцев.

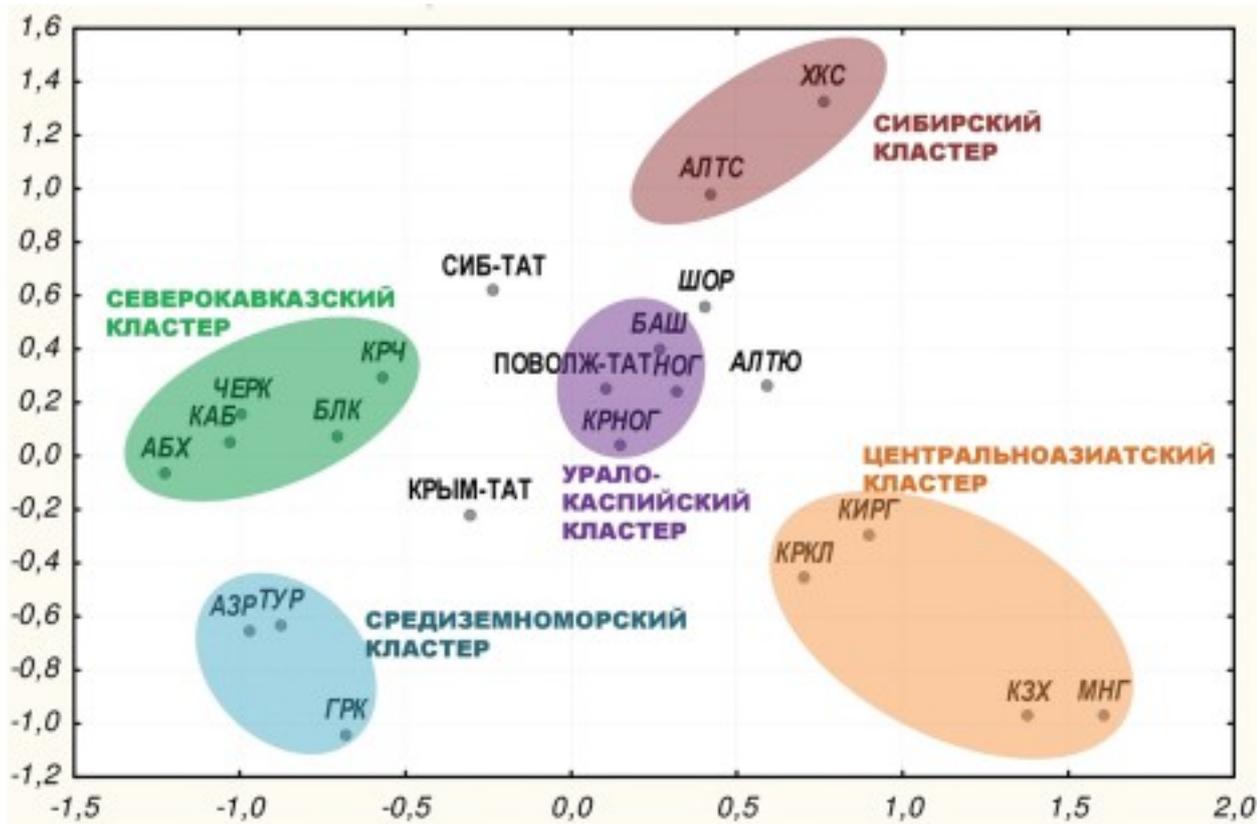


Рис. 2. Генофонды крымских, поволжских и сибирских татар в контексте Северной Евразии

Примечания. График многомерного шкалирования построен по частотам 20 гаплогрупп Y-хромосомы в 22 популяциях Северной Евразии. Величина стресса – 0,12, алиенации – 0,14. Обозначения популяций на графике: КРЫМ-ТАТ – крымские татары, ПОВОЛЖ-ТАТ – поволжские татары, СИБ-ТАТ – сибирские татары, АБХ – абхазы, АЗР – азербайджанцы, АЛТС – алтайцы северные, АЛТЮ – алтайцы южные, БАШ – башкиры, БЛК – балкарцы, ГРК – греки, КАБ – кабардинцы, КЗХ – казахи, КИРГ – киргизы, КРКЛ – каракалпаки, КРНОГ – караногайцы, КРЧ – карачаевцы, МНГ – монголы, НОГ – кубанские ногайцы, ТУР – турки, ХКС – хакасы, ЧЕРК – черкесы, ШОР – шорцы

Рис. 2. Генофонды крымских, поволжских и сибирских татар в контексте Северной Евразии. График многомерного шкалирования построен по частотам 20 гаплогрупп Y-хромосомы в 22 популяциях Северной Евразии. Обозначения популяций на графике: КРЫМ-ТАТ – крымские татары, ПОВОЛЖ-ТАТ – поволжские татары, СИБ-ТАТ – сибирские татары, АБХ – абхазы, АЗР – азербайджанцы, АЛТС – алтайцы северные, АЛТЮ – алтайцы южные, БАШ – башкиры, БЛК – балкарцы, ГРК – греки, КАБ – кабардинцы, КЗХ – казахи, КИРГ – киргизы, КРКЛ – каракалпаки, КРНОГ – караногайцы, КРЧ – карачаевцы, МНГ – монголы, НОГ – кубанские ногайцы, ТУР – турки, ХКС – хакасы, ЧЕРК – черкесы, ШОР – шорцы.

Итак, поволжские татары вошли в урало-каспийский кластер. Кластеризация поволжских татар с башкирами и двумя популяциями ногайцев связана со сходным соотношением в этих генофондах гаплогрупп Y-хромосомы, распространенных в Волго-Уральском регионе (N1c-LLY22g; I1-M253) и в северном Прикаспии (C3-M217).

Генофонды же крымских и сибирских татар оказались настолько своеобразны даже в обширном контексте Евразии, что не вошли ни в один из кластеров.

Крымские татары расположились сразу между тремя кластерами — средиземноморским, северокавказским и урало-каспийским. Это связано с контрастными компонентами в их генофонде: «южным» (средиземноморские и переднеазиатские по происхождению гаплогруппы, часть из которых достигает мирового максимума на Кавказе) и «восточным» (вклад гаплогрупп, характерных для народов степной полосы Евразии).

Сибирские татары также расположились между тремя кластерами — сибирским, урало-каспийским и северокавказским. Такое положение наиболее восточных татар в многомерном генетическом пространстве связано с высокими долями гаплогрупп Y-хромосомы, характерных для трех столь контрастных регионов как Сибирь (**N1b-P43, Q-M242**), Урало-Поволжье (**N1c-LLY22g, R1a-M198**) и Северный Кавказ (**G2a-P15, J2-M172**). Однако во многом связано с объединением генетически совершенно различных субэтносов в сборную группу сибирских татар: искеро-тобольский субэтнос сибирских татар генетически близок к генофонду Урало-Поволжья и северных берегов Каспийского моря, ялutorовский субэтнос — к генофонду Средиземноморья и Крыма, татар-бухарцев — к генофонду Северного Кавказа, субэтнос заболотных татар — к генофондам северных районов Урала и Зауралья, а иштыяско-токузский субэтнос — к генофондам народов Южной, Западной и Средней Сибири (подробнее рассмотрено в (Агджоян и др., 2016)).

Что можно сказать о происхождении татар

Тот факт, что генофонды разных этнотерриториальных групп татар оказались далеки друг от друга в генетическом пространстве Евразии, указывает на то, что у них нет единого предкового генетического компонента. Следовательно, нельзя говорить об общем генетическом происхождении татар Поволжья, Крыма и Сибири, считая их осколками когда-то единой общетатарской популяции. Версия их происхождения от средневекового восточно-монгольского племени «татар» также не находит генетических подтверждений: генофонды всех изученных популяций очень далеки и от монголов, и от других популяций Центральной Азии.

Наличие в генофонде каждой группы татар нескольких генетических пластов указывает на формирование каждого генофонда из нескольких источников. Генофонд крымских татар выделяется вкладом двух контрастных генетических компонентов: «южного», принесенного в Крым из Восточного Средиземноморья предположительно в античные и средние века, и «восточного», появившегося на полуострове с кочевниками из степной полосы Евразии. Генофонд татар Поволжья отличается наибольшим вкладом гаплогрупп Y-хромосомы, характерных для Восточной Европы и Приуралья (преобладание этого компонента может указывать на сохранение в их генофонде наследия дотюркского автохтонного (или, во всяком случае, дозолотоордынского) населения; меньшей долей «южного» компонента (возможно, результат миграционных связей с Кавказом) и крайне малым вкладом центральноазиатского генетического компонента. Сибирские татары характеризуются высоким генетическим разнообразием и очень значительной даже по «сибирским меркам» подразделенностью их генофонда. И это свидетельствует о разных путях формирования их генофондов и этногенеза.

Полученные результаты позволяют сделать вывод, что генофонды каждой из трех региональных групп татар сложились преимущественно на основе местного населения данного региона (Крыма, Поволжья или же Сибири) и что генетический вклад евразийских миграций имел не общий, а различные источники для каждой из региональных групп татар. Так что запятую в заголовке придется ставить только после слова «нельзя»: объединять нельзя, разделять.

Источник:

Е.В. Балановская, А.Т. Агджоян, М.К. Жабагин, и др. Татары Евразии: своеобразие генофондов крымских, поволжских и сибирских татар // Вестник Московского университета. Серия XXIII АНТРОПОЛОГИЯ № 2/2016: 75–85

(Агджоян, 2016) — А. Т. Агджоян, Е. В. Балановская, А. Д. Падыюкова и др. Генофонд сибирских татар: пять субэтносов – пять путей этногенеза // Молекулярная биология, 2016, том 50, № 6, с. 978–991

Текст статьи можно скачать на сайте, в разделе [Библиотека](#)