Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте Центральной Азии

Роза Схаляхо, Максат Жабагин, Надежда Маркина

Исследование Y-хромосомы туркменской популяции в Каракалпакстане (на территории Узбекистана) выявило сильное доминирование гаплогруппыQ, что, вероятно, объясняется их преобладающей принадлежностью к одному роду (йомуд). По генетическим расстояниям туркмены Каракалпакстана оказались близки к географически далеким от них туркменам Ирана и Афганистана и далеки от своих географических соседей – узбеков и каракалпаков.

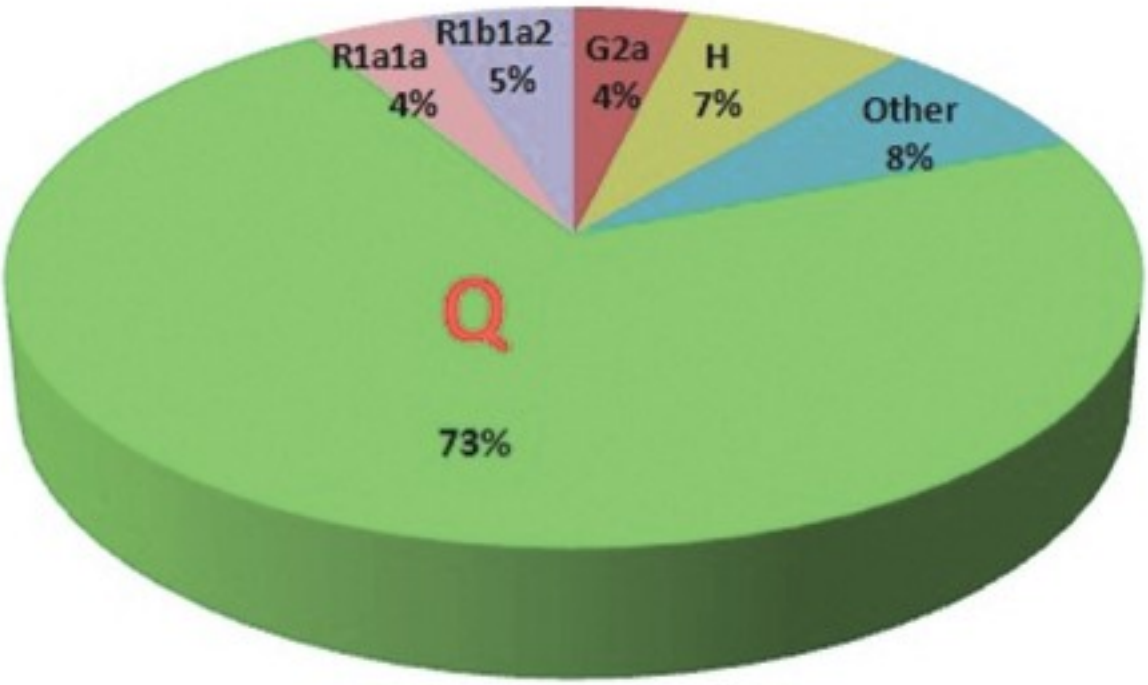
Туркмены – один из наименее изученных народов Центральной Азии. Основная причина состоит в том, что Туркменистан – закрытая страна, слабо интегрированная в международное научное сообщество. Генетическому исследованию туркмен посвящена статья, опубликованная в журнале «Вестник Московского университета», серия Антропология. Авторы статьи — к.б.н. Р.А.Схаляхо (Медико-генетический научный центр), М.К.Жабагин (Назарбаев Университет, Астана, Казахстан) и их коллеги, представили результаты исследования Y-хромосомной изменчивости самой северной туркменской популяции – туркмен Каракалпакстана (Узбекистан).

В этногенезе туркмен, говорящих на огузской ветви тюркских языков, наиболее древний пласт составили ираноязычные кочевые и полукочевые племена (дахи, массагеты, поздние эфталиты и сармато-аланы). С IV-VI веков это население на территории современного Туркменистана стало подвергаться тюркизации, в IX-XI веках сюда из степей Центральной Азии и Монголии массово мигрировали тюрки-огузы. Как и многие другие среднеазиатские народы, туркмены до сих пор сохраняют память о родоплеменной принадлежности. Параллельное изучение родоплеменной структуры и Y-хромосомы, наследуемой по отцовской линии, служит мощным инструментом популяционной генетики для реконструкции структуры генофонда, выявления миграций и экспансий.

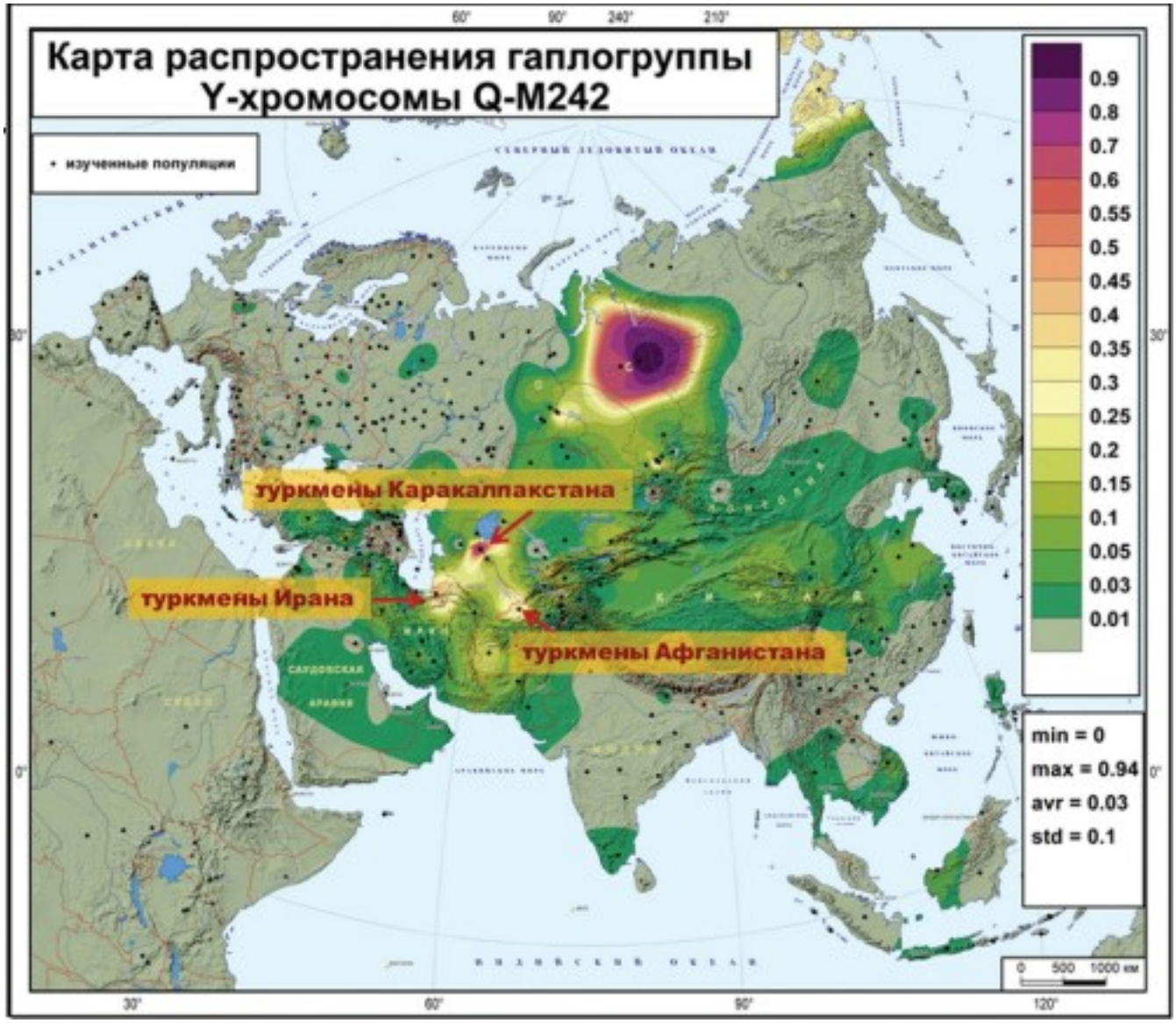
Авторы исследовали генофонд самой северной туркменской популяции, проживающей в автономии Каракалпакстан в Узбекистане, которая граничит с Туркменистаном. Численность этой популяции около 60 тыс. человек, представляющих один из крупнейших туркменских родов – йомуд.

Экспедиционное обследование этой популяции в числе других популяций Узбекистана было проведено в 2012 г. под руководством д.б.н., профессора Е.В.Балановской (ведущий автор статьи). В выборке из 83 человек (неродственных между собой мужчин) 88% оказались представителями рода йомуд. ДНК, выделенную из образцов крови, генотипировали поSNP маркерам (однонуклеотидный полиморфизм) и STR маркерам (короткие тандемные повторы).

Впервые для туркмен Каракалпакстана создан их «генетический портрет» по спектру и частотам гаплогруппY-хромосомы (см. Рис.1). В спектре представлено 12 гаплогрупп, но 73% приходится на «мажорную» гаплогруппуQ. Оставшуюся четверть генофонда составили гаплогруппы H (7%), варианты гаплогрупп R1b (6%), R1a1 (4%) и G2a (4%), еще пять гаплогрупп представлены единичными случаями. Доминирующая у туркмен гаплогруппа Q наиболее часто встречается в Средней и Южной Сибири, очень редка в Европе и с невысокими частотами встречается почти по всей Азии (см. карту). В популяциях других изученных туркмен она также присутствует, составляя 43% у туркмен Ирана, 34% у туркмен Афганистана, хотя очень редка у туркмен Ставрополья (2%).



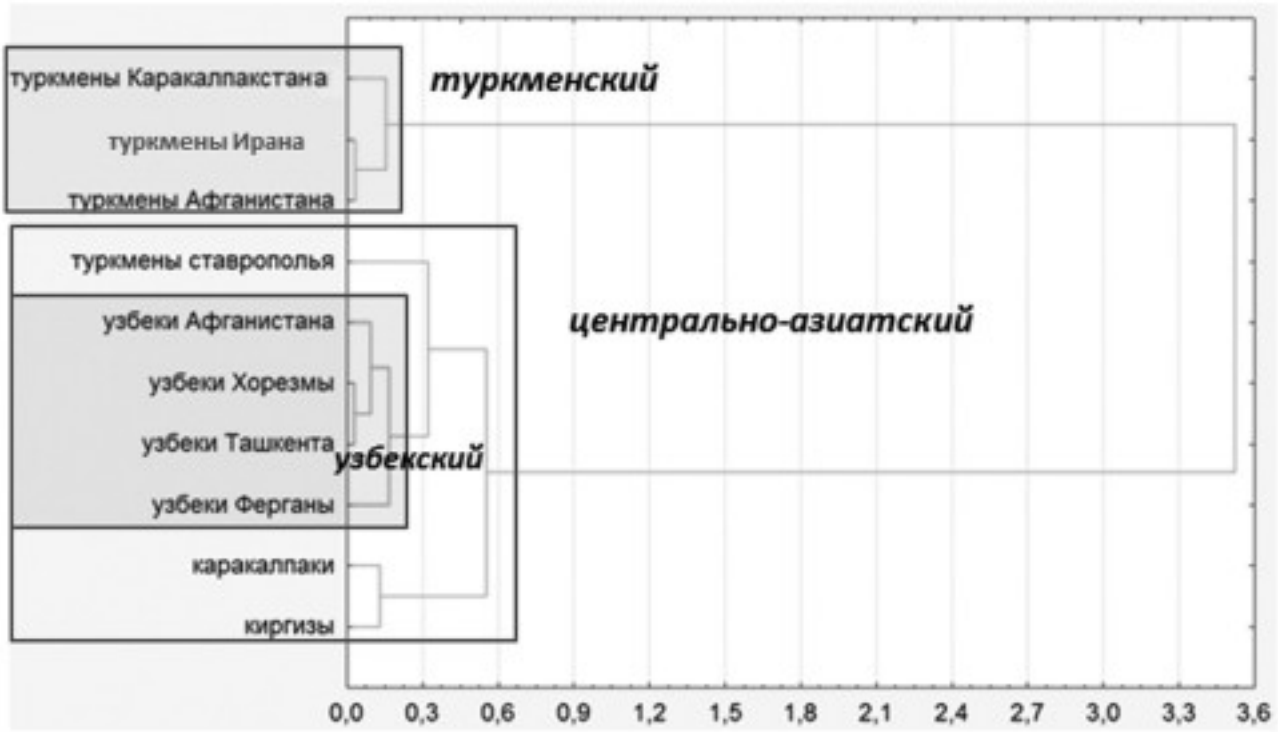
«Генетический портрет» туркмен Каракалпакстана. Спектр и частоты гаплогрупп Y-хромосомы.



Карта распространения гаплогруппы Q. Частота в популяциях соответствует цветовой шкале справа: высокая частота — фиолетовый цвет.

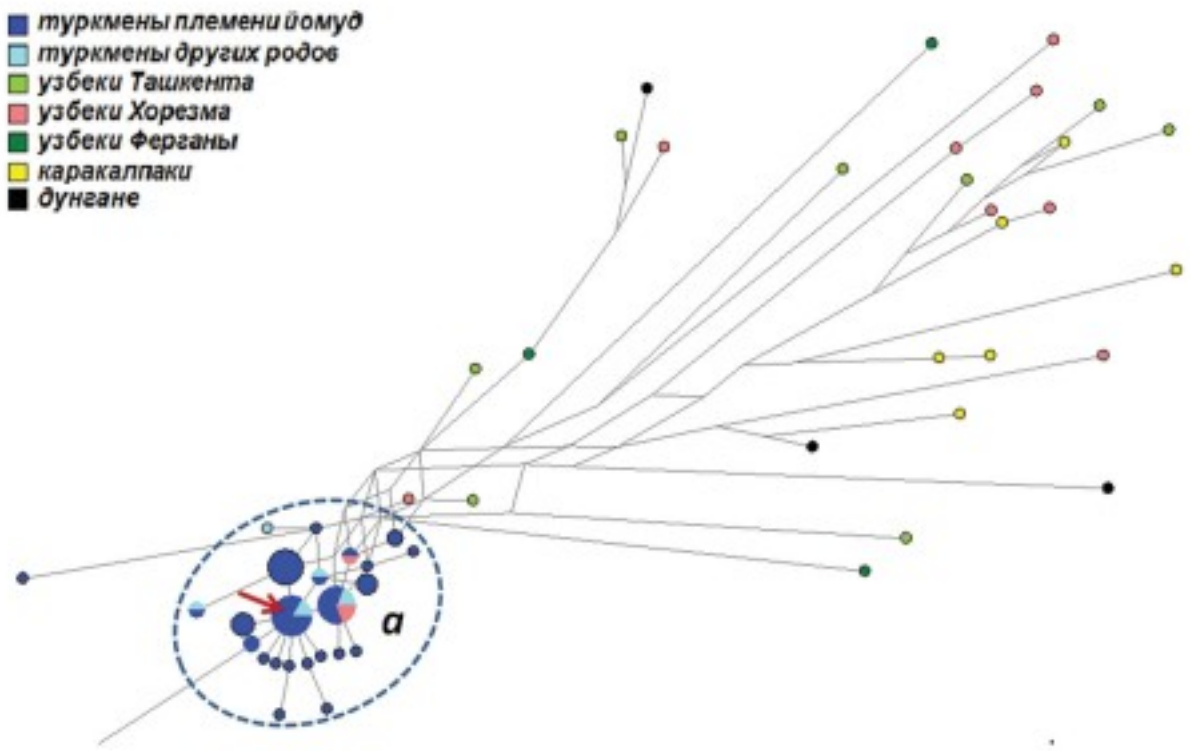
Такая высокая доля гаплогруппы Q у туркмен Каракалпакстана, возможно, объясняется тем, что они в основном относятся к одной родоплеменной группе, пишут авторы. Они выдвигают гипотезу, что генофонд одного из пяти крупнейших родов туркмен (отраженных на гербе и флаге) – рода йомуд – маркируется этой гаплогруппой. Однако к ней относятся не только представители рода йомуд, но и некоторые другие рода, представители которой были в изучаемой выборке (сарык, укер, олиз). Редкость этой гаплогруппы у ставропольских туркмен (2%) может указывать, что она не характерна для родов чоудор, игдыр и союнаджи, представленных в Ставрополье.

Авторы рассмотрели положение генофонда туркмен Каракалпакстана в контексте окружающих народов Центральной Азии по величине генетических расстояний между народами. Они оказались наиболее близки к туркменам Ирана и Афганистана, при этом генетически далеки от ближайших географических соседей – каракалпаков и узбеков. Построенная денгрограмма показала, что центрально-азиатские популяции разделились на два кластера: «туркменский» и остальных народов Центральной Азии. Все четыре популяции узбеков оказались генетически очень близки друг к другу (сформировав «узбекский» кластер), далекий от географически близких туркмен Каракалпакстана и близкий к географически далеким туркменам Ставрополья.



Дендрограмма генофондов туркмен и других популяций Центральной Азии. Построена на основе матрицы генетических расстояний.

Генетики построили также филогенетическую сеть вариантов (гаплотипов) гаплогруппы Q, на которой четко выделился «туркменский» кластер (обозначен пунктиром), в который вошли все туркмены с этой гаплогруппой.



Филогенетическая сеть гаплогруппы Q в популяциях Узбекистана.

В туркменском кластере был определен гаплотип основателя (от которого произошли все остальные гаплотипы) и вычислен его генеалогический возраст – 900 ± 300 лет. К сожалению, для этой части работы не хватает данных о генофонде туркмен в самой Туркмении. Исследователи предполагают, что генетическое изучение рода йомуд в Туркменистане увеличит разнообразие гаплотипов и удревнит полученную датировку.

Авторы приводят генеалогические предания о происхождении и времени жизни Йомуда, потомка Салор Казана – легендарного предка салорской этнографической группы, в которую входят йомуды. Салор Казан был одним из самых известных персонажей в фольклоре огузов, время его жизни помещается между 750-ми и 890-ми годами. По одной версии Йомуд был приемным или старшим сыном Салор Казана, по другой – его дальним потомков в 13-м поколении. Авторы отмечают, что полученные генетические датировки косвенно указывают на справедливость первой версии, но их доверительные интервалы слишком велики для верификации версий. Решение этой исторической загадки остается на будущее, с использованием полного секвенирования Y-хромосомы, как это удалось сделать при анализе генофонда племени аргын у казахов.

При этом исследователи подчеркивают, что полученные ими результаты не указывают на прямое образование «туркменского» кластера путем массовой миграции огузов в ареал современных туркмен. Появление гаплогруппы Q в генофонде туркмен может быть связано с различными вариантами миграций. Уточнение этой сложной картины, возможно, будет получено в ходе реконструкции ветвей филогенетического дерева Q – эта работа сейчас проводится коллективом, в который входят авторы статьи.

Источник:

Р.А. Схаляхо, М.К. Жабагин, Ю.М. Юсупов, А.Т. Агджоян, Ж.М. Сабитов, В.М. Гурьянов, О.А. Балаганская, Д.А. Далимова, Д.Х. Давлетчурин, Ш.У. Турдикулова, М.И.Чухряева, Р.Р. Асылгужин, А.Р. Акильжанова, О.П. Балановский, Е.В. Балановская.

ГЕНОФОНД ТУРКМЕН КАРАКАЛПАКСТАНА В КОНТЕКСТЕ ПОПУЛЯЦИЙ ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ (ПОЛИМОРФИЗМ Y-ХРОМОСОМЫ)

Вестник Московского университета. Серия XXIII, АНТРОПОЛОГИЯ № 3/2016: 86–96

Текст статьи можно скачать на сайте в разделе Библиотека