

Башкиры: что может рассказать Y-хромосома о происхождении кланов?

Коллектив генетиков и историков изучил генофонды пяти родовых объединений (кланов) северо-восточных башкир. Преобладание в их Y-хромосомных «генетических портретах» одного варианта гаплогрупп указывает на единый генетический источник их происхождения – генофонд прото-клана. Это соответствует представлениям от общего предка в генеалогических преданиях, но противоречит этнографическим реконструкциям происхождения кланов по данным об этнонимах: последние указывают на разное происхождение всех кланов. Выдвинута гипотеза, что формирование генофонда северо-восточных башкир связано с трансуральским путем миграций из Западной Сибири в Приуралье, хорошо известном кочевникам в эпоху раннего железного века и средневековья.

В журнале Вестник Академии Республики Башкортостан опубликована статья московских генетиков и башкирских историков (первый автор к.и.н. Ю.М.Юсупов, руководитель Центра социокультурного анализа Института стратегических исследований Республики Башкортостан, Уфа), в которой представлены результаты геногеографического изучения родовых объединений (кланов) северо-восточных башкир. Пять башкирских кланов анализировали по Y-хромосоме, которая так же, как и родовая принадлежность, наследуется по отцовской линии. Комплексный анализ родовой и генетической структуры позволил выдвинуть гипотезы об источниках формирования генофондов кланов.

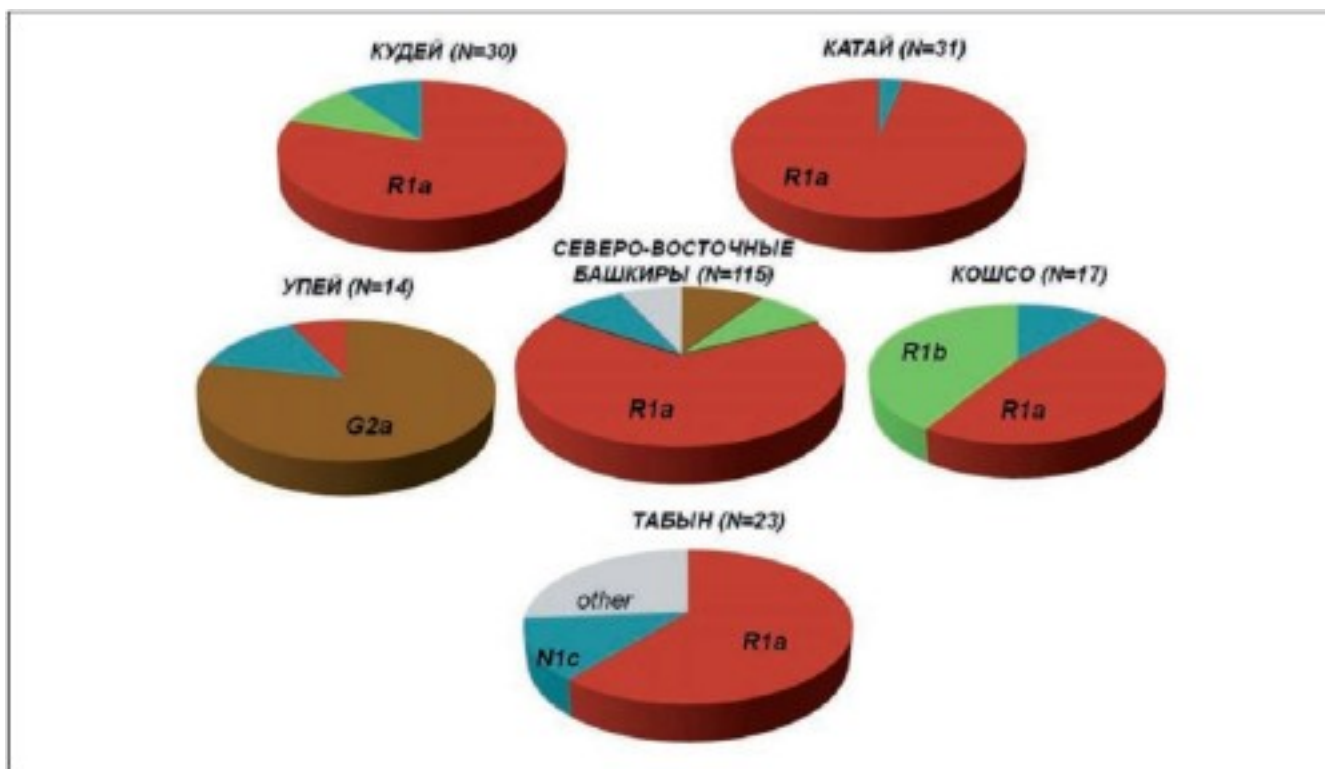
В начале статьи авторы останавливаются на понятии «родовая структура». Для кочевников родовое объединение (клан) – это непереносимый элемент социальных и политико-правовых отношений. Гибкая родовая структура позволяла кланам складываться в государственные образования и вновь рассыпаться при необходимости, сохраняя при этом сам клан. Но если у большинства степных народов модель родовой структуры была «вертикальной» (кланы выстраивались иерархично), то башкирам свойственна «горизонтальная» (эгалитарная) модель родовой структуры: кланы предстают как равнозначные субъекты. Хотя на сегодня клановая структура в башкирском обществе в основном сохранилась лишь как историческая память, во многих случаях она поддается надежной историко-этнографической реконструкции.

Образцы венозной крови северо-восточных башкир (115 образцов) были собраны в ходе экспедиционного обследования населения Башкортостана в 2012–2014 годах коллективом сотрудников Медико-генетического научного центра (МГНЦ), Института общей генетики РАН и Академии наук Республики Башкортостан под руководством проф. Е.В. Балановской (координатор экспедиции Ю.М. Юсупов). Все предки обследованных как минимум до третьего поколения относили себя к башкирам, а по мужской линии – к одному из пяти кланов: катый, кошсо, кудей, табын, упей. В выборку включались только неродственные между собой мужчины.

Выделенную ДНК исследователи анализировали по двум панелям маркеров Y-хромосомы: 41 SNP (маркеры [однонуклеотидного полиморфизма](#)) и 17 STR ([короткие тандемные повторы](#)).

Гаплогруппы и кланы

По гаплогруппам Y-хромосомы созданы «генетические портреты» кланов северо-восточных башкир. Если посмотреть на их общий «портрет», то в нем четко выделяется доминирующая (мажорная) гаплогруппа R1a, составившая две трети генофонда (67%); три других гаплогруппы — G2a, R1b и N1c1 — встречаются намного реже (с частотами 8–10%) а частоты остальных – менее 2%. Общий «генетический портрет» северо-восточных башкир и портреты каждого из пяти кланов представлены на рисунке.



«Генетические портреты» северо-восточных башкир.

Как видно, по долям основных гаплогрупп в спектре, «генетические портреты» четырех кланов в большой степени сходны друг с другом и с общим портретом северо-восточных башкир. Только клан упей по спектру гаплогрупп Y-хромосомы своеобразен.

В статье приводятся историко-этнографические данные о происхождении каждого из пяти родовых объединений и параллельно обсуждаются особенности их «генетических портретов».

Так, предки крупного родового объединения табын по версии этнографов жили в Семиречье, и в конце I тыс. н.э. были подхвачены кыпчакской миграцией на запад. В их преданиях сохранились представления об общем первопредке Майкы-бие. В генофонде этого клана преобладает гаплогруппа R1a (61%), намного реже — паневразийская гаплогруппа N1c (10%), еще реже другие гаплогруппы, в том числе переднеазиатские и средиземноморские.

Члены клана катай этнографы связывают с кара-китаями, создавшими государственное объединение в Туркестане и мигрировавшими на Южный Урал в составе тюрко-монгольских кочевых племен. Все обследованные катайцы, за исключением одного образца, оказались носителями гаплогруппы R1a.

Происхождение клана кудей этнографы связывают с территориями Алтая и Центральной Азии. В их генофонде также резко преобладает гаплогруппа R1a (80%).

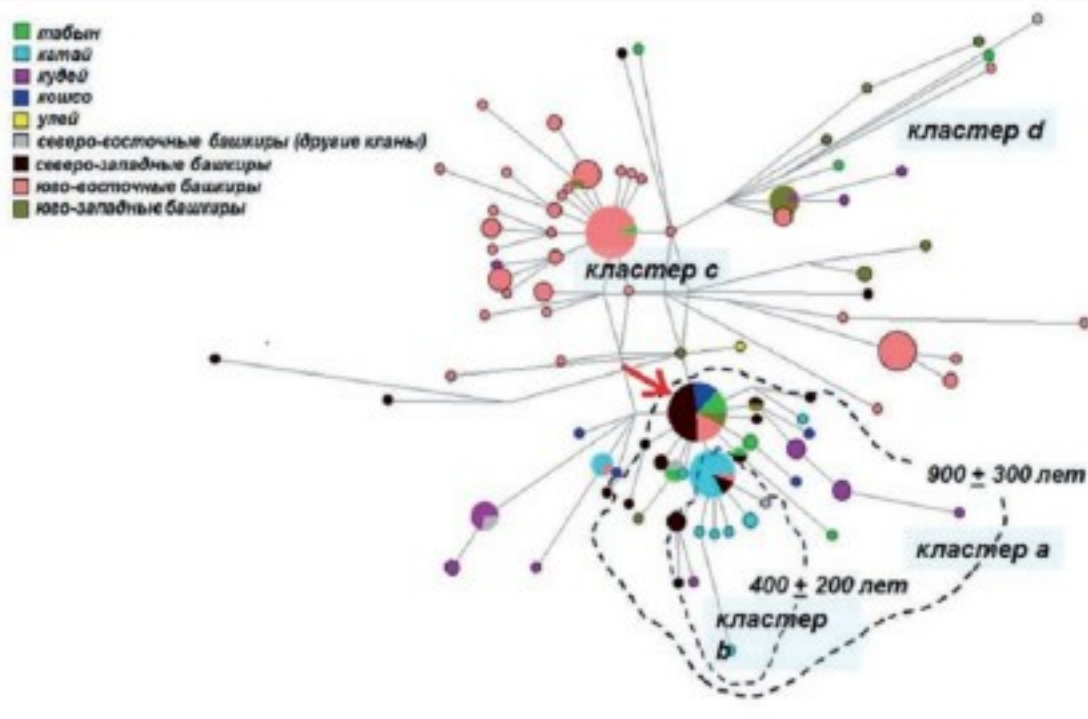
Генофонд клана кошсо (кушчи) оказался наиболее разнообразным, у них доминируют две гаплогруппы R1a и R1b, составляющие 80% в сумме, а оставшиеся 20% приходится на N1c. По мнению авторов, высокая частота гаплогруппы R1b отражает позднюю миграцию семейно-родовых групп с запада башкирского ареала (из Прикамья).

Неожиданным оказался генетический портрет рода упей. Происхождение их этнонима связывают с угро-самодийскими племенами. Но в их генофонде преобладает гаплогруппа G2a, характерная для народов Центрального Кавказа. По мнению авторов статьи, это позволяет предполагать миграцию основателя этого клана с территории Центрального Кавказа в эпоху средневековья.

Сеть гаплотипов, и что она показала

Поскольку в обследованных популяциях преобладала гаплогруппа R1a, генетики провели ее филогенетический анализ — расположили на дереве родства все относящиеся к ней гаплотипы (на основе быстро мутирующих STR маркеров) в пределах

всего генофонда башкир. На дереве выделились три кластера: кластер «с» включает юго-восточных башкир, кластер «d» – в основном юго-западных, кластер «а» – основную часть (54%) носителей гаплогруппы R1a у северо-восточных башкир (см. рисунок). В северо-восточном кластере «а» обнаружен исходный гаплотип (гаплотип-основатель). Этот же гаплотип оказался и у большинства северо-западных башкир (по гаплогруппе R1a), что свидетельствует о близком родстве этих двух этнографических групп. Возраст гаплотипа генетики определили в 900 ± 300 лет. Внутри кластера «а» выделился более мелкий кластер «b» с датировкой 400 ± 200 лет, куда в большинстве вошли катайцы.



Филогенетическая сеть гаплогруппы R1a для пяти изученных кланов в контексте всех этнографических групп башкир (стрелкой указан предполагаемый гаплотип основателя «северо-восточного» кластера).

Полученные результаты привели авторов к выводу, что доминирующая в генофонде северо-восточных башкир гаплогруппа R1a отражает единый источник миграции для этого региона. Авторы выдвигают гипотезу о формировании генофонда северо-восточных башкир в основном через трансуральский путь миграций кочевых племен, связывавший Западную Сибирь и Приуралье в эпоху раннего железного века и средневековья. Если обратиться к археологическим культурам, то его можно связать с культурами Южного Зауралья доордынского времени и кушнаренковско-караякуповским археологическим комплексом.

Все носители гаплогруппы R1a среди северо-восточных и северо-западных башкир принадлежат к одному кластеру. Поэтому можно предположить, что в их истории произошло разрастание одного прото-клана, связанного реальным кровным родством. Это хорошо соотносится с представлениями о родоначальнике Майкы-бие, имеющимися в башкирских родословных большинства обследованных кланов.

Авторы отмечают, что в большинстве случаев данные генофонда не подтвердили историко-этнографические реконструкции, которые указывали на разное происхождение северо-восточных кланов – с точки зрения генетики они предстают как части разросшейся семейно-родовой группы.

В этом структура кланов северо-восточных башкир оказалась иной, чем у других этнографических групп башкир. Например, у юго-восточных башкир генофонд каждого клана существенно отличается от соседних кланов, и рост его популяции не предполагает сегментацию, отражая эгалитарную («горизонтальную») модель родов башкирского общества. Северо-восточные кланы указывают на иную модель социальных отношений, где при росте клана, происходит его деление на более мелкие новые образования, что похоже на «иерархичную» модель кочевников Центральной Азии. Историками высказывались предположения о существовании так называемого «Табынского ханства», в рамках которого могла укорениться данная модель социальных и общественно-политических отношений.

Источник:

Ю.М. Юсупов, Р.А. Схаляхо, А.Т. Агджоян и др.

Родовые объединения северо-восточных башкир в свете данных геногеографии (по полиморфизму Y-хромосомы)

Вестник Академии наук РБ, 2016, том 21, № а4 (84), с. 16-25