Комплексные исследования этногенеза: союз геногеографии и этнографии

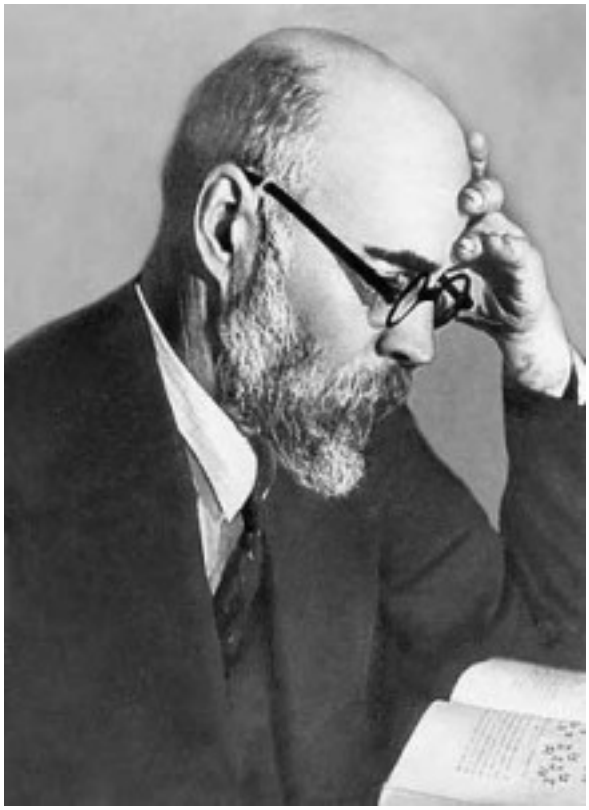
Юлдаш Юсупов, Елена Балановская, Жаксылык Сабитов, Олег Балановский

С разрешения авторов публикуем статью, вышедшую в журнале Вестник антропологии, 2017. № 2 (38)

Геногеография пережила несколько этапов развития: расцвет начала XX века, упадок во время гонений на генетику, возрождение в 70-х годах XX века и бурный рост с начала XXI века. Несмотря на признание исследований по географии генофондов со стороны мирового научного сообщества и все возрастающую роль геногеографии в междисциплинарных исследованиях народонаселения, до сих пор нет консенсуса о соотношении предметных областей геногеографии и этнологии. Традиционным объектом исследования этнологии является этнос, а геногеографии – популяция, сопряженная с этносом. Генетики и этнологи часто работали параллельно, а с конца 2000-х годов началось их тесное сотрудничество на всех этапах исследования – от совместных экспедиций до совместного анализа и синтеза. Приведены примеры таких совместных исследований, позволяющих оценивать гипотезы происхождения той или иной популяции (в том числе родоплеменных групп). Эти примеры демонстрируют, что корректно осуществляемый союз генетики и этнологии имеет добротные научные перспективы.

Ключевые слова: этнос, генофонд, этногенез, геногеография, история, этнография, популяционная генетика.

Введение



А.С.Серебровский

Геногеографию трудно назвать новой научной дисциплиной – она уже может отмечать столетний юбилей. В начале XX века основатель геногеографии А.С. Серебровский отнес ее к разделу исторических наук: основной задачей геногеографии он ставил изучение истории популяций человека по данным о географии генофонда, причем генофонда не только человека, но и домашних животных. Геногеография пережила несколько этапов развития: расцвет в начале XX века; во время гонений на генетику она укрылась под крылом антропологии (Бунак 1969); но, благодаря оставшемуся в США Феодосию Григорьевичу Добржанскому (дальнему родственнику Достоевского), она обрела там новую родину и второе дыхание; затем трудное возрождение в России в 70-е годы (связанное с именем Юрия Григорьевича Рычкова); и, наконец, новый бурный расцвет в конце XX века и яркий всплеск мировых исследований в области географии генофондов в веке нынешнем.

Механизмы сопряженности этноса и популяции

Однако несмотря на столь долгую и яркую историю, несмотря на непрерывающуюся связь с российской этнической антропологией и мировое признание геногеографических исследований (зафиксированное даже в названии крупнейшего международного проекта в области популяционной генетики – «The Genographic project»), в России не угасает дискуссия о том, может ли быть объектом исследования геногеографии этнос? Вновь и вновь ставится вопрос: при каких условиях и каким образом мы можем соотносить генетические процессы в популяциях человека и процессы культурные, этнические, социальные? Представления о том, что этнос – это лишь ситуативно переживаемый акт, явно не раскрывает всей сути сложного явления связи этноса с его генофондом. Так понимаемая этническая идентичность индивида или даже коллектива не может объяснить причины формирования генетического своеобразия популяций того или иного этноса, без учета специфичных механизмов, значительно расширяющих функции этноса. Отсюда и нигилизм (порой весьма ревнивый) некоторых сторонников конструктивистской теории этноса по отношению к исследованиям популяции, сопряженной с этносом, методами популяционной генетики.

Для начала обратимся к классикам этнографии и антропологии. С.М. Широкогоров – основатель этнографической науки – связь между культурой и популяцией выразил в весьма емкой формуле, связавшей уровень культуры, плотность населения и территорию. Связь культуры и структуры популяции отмечали и основатели этнической антропологии В.В. Бунак и Я.Я. Рогинский, указывая на уменьшение роли отрицательного отбора при развитии культуры.

Ю.В.Бромлей

Детально вопрос о соотношении этноса и популяции рассматривал один из активных оппонентов «биологизации» этноса Ю.В. Бромлей. Главным ключом к возникающей взаимосвязи социального и биологического Ю.В. Бромлей считал эндогамию. Рассматривая эндогамию народов СССР и Ближнего Зарубежья, исследователь заключил, что даже в середине XX века этносы были эндогамны на 90%, а оставшиеся 10 % существенно не влияли на динамику этноса. Эндогамии он придавал значительную роль в сохранении этноса: за ее разрушением обычно следует разрушение этноса и формирование новой этнической общности. Особую роль эндогамии Ю.В. Бромлей видел в процессе инклюзии (ассимиляции) представителей других этносов, где для сохранения этноса доля «инородных элементов», включенных в его систему эндогамной брачной структуры, должна быть ограниченной (Бромлей 1969). Основной единицей эндогамии и этноса является семья, которая, наряду с биологическим воспроизводством, имеет функцию культурной ретрансляции, создавая не только единство во времени и пространстве этнической культуры, но и культурное обособление этноса, препятствующее разрушению эндогамии. При этом Ю.В. Бромлей выделяет важную для рассматриваемой нами проблемы такую функцию эндогамии как формирование не только культурного барьера, но и «своеобразного генетического барьера». Результатом этого и является генофонд этноса – один из множества объектов популяционной генетики. Именно за счет такого института, как эндогамия, этнос оказывается сопряжен с популяцией, но, конечно же, с популяцией, возникающей в результате социальных процессов и полностью ими определяемой, а не наоборот. Независимо от этнографии, популяционная генетика сформулировала сходный собственный критерий популяции: популяция существует до тех пор, пока более 50% браков заключается в ее пределах (50% эндогамных браков).

Популяция, задаваемая брачной структурой этноса, может быть интерпретирована в терминах информационных потоков. Отметим, что С.А. Арутюнов выделяет особую роль диахронных связей в этнических образованиях типа этникос (Арутюнов2002: 34–35), выделенных некогда Ю.В. Бромлеем: этникос является одним из важных элементов, сохраняющий информацию, посредством которой связаны поколения. При таком условии культурного и генетического воспроизводства этноса ключевым аспектом являются выработка принципов передачи этнической информации как минимум в течение трех поколений в условиях соблюдения традиционного для данного этноса уровня эндогамии. В популяционной генетике независимо сформулирован «принцип трех поколений» (Балановская и др. 2016), который играет ключевую роль при формировании анализируемых выборок.

Таким образом, этнос является социальным институтом с функцией передачи совокупности культурных и исторических знаний, которая переносится по всему ареалу кормящего ландшафта и имеет механизмы передачи информации следующему поколению, генетически связанному с предыдущим поколением, и тем самым провоцирует формирование своеобразия генофонда. Структура брачных связей, в частности, этническая эндогамия, одновременно выступает механизмом сохранения и этноса как культурного явления, и формируемой им популяции.

Принципы взаимодействия геногеографии и этнографии

Одним из множества объектов исследования популяционной генетики в целом, и геногеографии в частности, является популяция, сформированная этносом и сопряженная с ним. При этом ключевым методологическим моментом является возможность фиксации именно этноса в традиционном его виде, то есть обусловленного информационными связями традиционного характера. В национальный период создавалась надэтническая культурная система, выраженная в формировании новых институтов, параллельных этническим и способных передавать социокультурные установки. Наряду с диахронными информационными циклами (вертикальными, связывающими поколения) начинают возникать «синхронные» (горизонтальные, межгрупповые) циклы (Арутюнов 2002: 39–41). Возникает этносоциальный организм с новыми качествами, при этом структура этноса может существенно измениться. Для выявления таких изменений и оценки их интенсивности безусловно важно взаимодействие с исторической наукой, использование архивных материалов Ревизских сказок XIX–XX вв., иногда и Метрических книг, этноисторических реконструкций ойкумены этноса и понимание структуры традиционного донационального общества. Ключевым элементом исследования является выделение автохтонного ядра этноса – первичной формы этноса, находящегося на той автохтонной территории, на которой протекал этногенез и формирование этнической идентичности. Именно поэтому, например, при исследовании русского этноса и антропологами (Бунак 1965), и генетиками (Балановская, Балановский2007) изучалось коренное русское население только центра и севера Восточно-Европейской равнины (то есть исходного, а не всего современного ареала русских), а при изучении мишарей и удмуртов выделялись первичные этнографические группы. Таким образом, при исследовании современного генофонда народов методами геногеографии существует постоянное обращение к эпохе жизни этноса, обусловленного принципами традиционного общества.

Учитывая известную философско-психологическую триаду: дед – отец – внук, которая, по сути, является шагом социокультурной традиции, геногеография также ориентируется на преемственность поколений в отношении этничности на протяжении как минимум трех поколений. Этот принцип «трех поколений» (Балановская и др.2016) является общепризнанным в мировой популяционной генетике: в подавляющем большинстве и российских, и зарубежных популяционно-генетических исследований в анализ ДНК включаются только те неродственные между собой индивиды, все предки которых до третьего поколения относили себя к одному и тому же этносу и родились в его ареале. Именно с этим связано составление родословных в рамках анкет при изучении генофонда, где ключевое место занимает территориальная и этническая фиксация дедов и бабушек индивида по всем линиям наследования. Этот метод позволяет взглянуть на этнос в ретроспективе и выявить тот самый этникос с его диахронными связями.

Практика взаимодействия геногеографии и этнографии

В 1990-е годы технический прогресс в области геномных исследований создал возможность изучения полиморфизма Y-хромосомы, которая стала наиболее популярной генетической системой: последовала целая лавина публикаций о народах мира, значительно расширившая горизонты популяционной генетики. Огромная межпопуляционная изменчивость Y-хромосомы и возможность не только прослеживать отцовские линии наследования, но и датировать события генетической истории, сразу привлекли к ней внимание антропологов, этнографов и историков. Но вплоть до конца 2000-х годов основная масса популяционных генетиков дистанцировались от прямого сотрудничества с этнографией и историей. Наиболее типичный вопрос популяционной генетики звучал так: «Какие гаплогруппы и гаплотипы распространены в популяции N?», хотя популяции обычно маркировались принадлежностью к тому или иному этносу. Но уже с конца 2000-х годов началось тесное сотрудничество популяционных генетиков с этнографами, лингвистами, археологами и историками.

Наиболее ярко и плодотворно эта работа проявилась в планомерном изучении родоплеменной структуры у тех народов, где память о ней еще сохранилась. При совместной экспедиционной работе генетиков, этнографов и историков ее итоги оказывались гораздо глубже, чем работа каждого из этих специалистов в автономном режиме. Их дальнейшее взаимодействие на всех последующих этапах исследования позволяло достигать много более глубокого научного знания о структуре генофонда и истории его формирования. При этом обнаружилось, что разные рода и кланы одного этноса резко отличаются друг от друга по частотам гаплогрупп Y-хромосомы: для каждого «родового» генетического портрета обычно характерно преобладание одной-трех гаплогрупп в сочетании, свойственном именно этому роду.

Создание таких генетических портретов рода и датировки TMRCA (времени жизни последнего общего предка для всех потомков в данной генетической линии) позволяют дать ответы, например, на следующие сугубо исторические и этнографические вопросы.

Когда жил предок-основатель (или предки) данного рода?

Обычно родоплеменные объединения хранят предания, мифы и легенды о своем происхождении с перечислением своих предков. Сопоставляя исторические данные, первоисточники и генеалогии, можно датировать предполагаемое время существования легендарного или реального предка рода. Независимо методы расчета TMRCA на основе STR и SNP-маркеров Y-хромосомы позволяют датировать время существования предка-основателя данной генетической линии в данной популяции. Эти две датировки – историческую и генетическую – можно сопоставить напрямую с целью верифицировать исторические версии происхождения рода. Чтобы не быть голословными, позволим себе привести конкретные примеры.

В работе по изучению гаплогруппы **G1a** на основе полногеномного секвенирования Y-хромосомы (Balanovsky et al.2015) был

Тамга — родовой фамильный знак аргынов (восьмерка — символ бесконечности).

изучен один из крупнейших казахских родов- Аргын. Его легендарный предок-основатель, согласно письменным и устным историческим источникам, жил в XIV веке. Поскольку гаплогруппа **G1a** резко преобладает в генофонде аргынов, для представителей разных ветвей аргынов провели полногеномное секвенирование Y-хромосомы и получили «генетическое» родословное древо с датировками его ветвления. Оно практически полностью совпало с генеалогическим (шежере) и историческим родословным древом. Аналогичный результат получен для туркменского племени Йомуд (Схаляхо и др.2016), хотя датировки TMRCA имеют здесь намного больший доверительный интервал: из-за невозможности получить для исследования образцы ДНК из Туркменистана, исследование было вынужденно ограничено популяциями туркмен, проживающих за пределами Туркменистана уже более трех поколений.

Исследование генетическими методами представителей правящих династий разных стран мира позволяет внести решающий

вклад в спорные вопросы происхождения династий. Исследования Рюриковичей, китайской династии Цин, а также Чингизидов и Сеидов (потомки пророка Мухаммеда) генетическими методами (Batbayar 2013; Жабагин 2014; Волков 2015; Shi Yan 2015) позволили значительно продвинуть наше знание об этих династиях по сравнению с чисто историческим периодом исследований.

Эти примеры показывают, как комплексная работа генетиков, историков и этнографов помогает решению сугубо исторических проблем.

Где «прародина» рода?

Генетические исследования позволяют верифицировать также и гипотезы об ареале происхождения того или иного рода и путях его миграций.

Вернемся к роду Аргын. До геногеографических исследований среди историков и этнографов считалось, что казахский род Аргын имеет восточноазиатское происхождение, и насчитывалось более 10 очень различающихся версий его происхождения. Однако результаты генетических исследований позволили отвергнуть большую часть этих версий, локализовать географический ареал варианта Y-хромосомы, характерного для аргынов, и резко сузить число обсуждаемых гипотез происхождения аргынов.

Другой пример – изучение генофондов родов Катай, Кошсо, Кудей, Табын и Упей северо-восточной этнографической группы башкир. Оказалось, что значительная часть генофонда северо-восточных башкир – носителей гаплогруппы **R1a-M198** – отражает единый источник миграции для этого обширного региона, вопреки мультрегиональному спектру версий их этногенеза. Филогенетический анализ гаплогруппы **R1a-M198** фиксирует принадлежность этих кланов башкир к одному «северо-восточному» кластеру, что указывает на постепенное генетическое разрастание единого прото-клана, связанного не мифическим, а реальным кровным родством. Ареал распространения северо-восточных башкир и возраст «северо-восточного» кластера гаплотипов **R1a-M198** (900±300 лет) позволяет соотнести его с культурами Южного Зауралья доордынского времени и кушнаренковско-караякуповским археологическим комплексом. Дальнейшее сравнение генофонда северо-восточных башкир с генофондами Западной Сибири, а также анализ новых субгаплогрупп внутри гаплогруппы **R1a** помогут верифицировать эту гипотезу. Также данные геногеографии не подтверждают историко-этнографическую версию об угро-самодийском происхождении рода Упей: его генофонд отличает высокая частота (79%) гаплогруппы **G2a-P18** (подвариант гаплогруппы **G2a-P16**), характерной для народов Центрального Кавказа. Это позволяет предполагать миграцию основателя рода Упей с территории Центрального Кавказа в эпоху средневековья. Осуществляемый сейчас скрининг популяций Кавказа и окружающих регионов по субвариантам этой гаплогруппы, выявленным в результате полногеномного анализа, позволит точнее проследить источник данной миграции.

В целом, союз геногеографов и этнографов позволяет интенсифицировать процесс накопления научного знания об истории формирования того или иного этноса. Дальнейшее расширение такого сотрудничества позволит ответить на многие исторические и этнографические вопросы в ситуации, когда источниковая база не позволяет сделать это на основе только исторических и этнографических методов.

Литература

Арутюнов 2002 – Арутюнов С.А.Культура, традиции и их развитие и взаимодействие. Люистон: Эдвин Меллен Пресс, 2002.

Балановская, Балановский2007 – Балановская Е.В., Балановский О.П. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 2007.

Балановская и др. 2016 – Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т., Чухряева М.И., Маркина Н.В., Балаганская О.А., Схаляхо Р.А., Юсупов Ю.М., Утевская О.М., Богунов Ю.В., Асылгужин Р.Р., Долинина Д.О., Кагазежева Ж.А., Дамба Л.Д., Запорожченко В.В., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Кузнецова М.А., Лавряшина М.Б., Почешхова Э.А., Балановский О.П. Популяционные биобанки: принципы организации и перспективы применения в геногеографиии персонализированной медицине // Генетика, 2016. Т. 5. № 12. С. 1–17.

Бунак 1965 – Бунак В.В. Происхождение и этническая история русского народа. По антропологическим данным. Под. ред. В.В. Бунака. М.: Наука, 1965.

Бунак 1969 – Бунак В.В. Геногеографические зоны Восточной Европы, выделяемые по факторам крови АВ0 // Вопросы антропологии, 1969. №. 32. С. 6–28.

Бромлей 1969 – Бромлей Ю.В.Этнос и эндогамия // Советская этнография, 1969. № 6. С. 84–91.

Волков 2015 – Волков В.Г. Все ли Рюриковичи происходят от одного предка? Происхождение Рюрика и Гедимина в свете последних генетических исследований (http://trog.narod.ru/articles/rurikids/Rurikids.htm).

Жабагин и др. 2014 – Жабагин М.К., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М., Утевская О.М. Тарлыков П.В., Тажигулова И.М., Балаганская О.А., Нимадава П., Захаров И.А., Балановский О.П. Связь изменчивости у хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2014. № 1. С. 96–101.

Схаляхо и др. 2016 – Схаляхо Р.А., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М., Агджоян А.Т., Сабитов Ж., Гурьянов В.М., Балаганская О.А., Далимова Д., Давлетчурин Д., Турдикулова Ш., Асылгу-жин Р.Р., Акильжанова А.Р., Балановский О.П., Балановская Е.В. Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2016. № 3. С. 83–93.

Shi Yan et.ol. 2015 – Shi Yan, Harumasa Tachibana, Lan-Hai Wei, Ge Yu, Shao-Qing Wen and Chuan-Chao Wang. Y chromosome of Aisin Gioro, the imperial house of the Qing dynasty // Journal of Human Genetics, 2015. Vol. 60, June. Pp. 295–298.

Batbayar, ., Sabitov 2013 – Batbayar Kh., Sabitov Zh.The Genetic Origin of the Turko-Mongols and Review of the Genetic Legacy of the Mongols. Part 1: The Y-chromosome Lineages of Chinggis Khan // The Russian Journal of Genetic Genealogy, 2012. Vol. 4. № 2.; 2013. Vol. 5. No. 1. Pp. 1–8.