Генофонд юго-восточных башкир в контексте их родовой структуры

Елена Балановская

Шесть кланов юго-восточных башкир изучены по широкой панели SNP и STR маркеров Y-хромосомы. Оказалось, что генофонды кланов, участвовавших в сложении древнебашкирского этноса, более гетерогенны, чем генофонды кланов, относящихся к более позднему кыпчакскому кругу. Параллельный анализ генофонда и родовой структуры позволил выдвинуть гипотезу, что основной генетический пласт юго-восточных башкир ассоциирован с дотюркским (финно-угорским) населением Восточной Европы и Урала, однако подвергся сильному влиянию кочевников прикаспийских степей и кыпчакской миграции. Центральноазиатское (монгольское) влияние на генофонд башкир выражено крайне слабо. Это подтверждает гипотезу историков, что Башкирия не входила в зону кочевания ордынского населения.

Мы уже писали о междисциплинарных исследованиях генетиков и историков, проведенных для генофондов разных регионов Башкортостана: северо-восточных башкир, северо-западных и юго-западных башкир. Так, в генофондах северо-восточных и части северо-западных башкир выделяется прото-клан, демографический рост которого относится к XII-XVI вв. У северо-западных и юго-западных башкир выделяется процесс взаимодействия населения различного происхождения в результате миграций западносибирского и центральноазиатского кочевого населения в течение I и первой половины II тысячелетия.

Исследование генофонда башкир, проведенное коллективом специалистов Медико-генетического научного центра и Института стратегических исследований Республики Башкортостан, завершается статьей по изучению генофонда юго-восточных башкир, опубликованной в журнале «Вестник Московского университета. Серия XXIII Антропология».

Своеобразие такого изучения генофонда башкир в том, что оно опирается на ключевую особенность башкирского этноса – родовое объединение (клан).

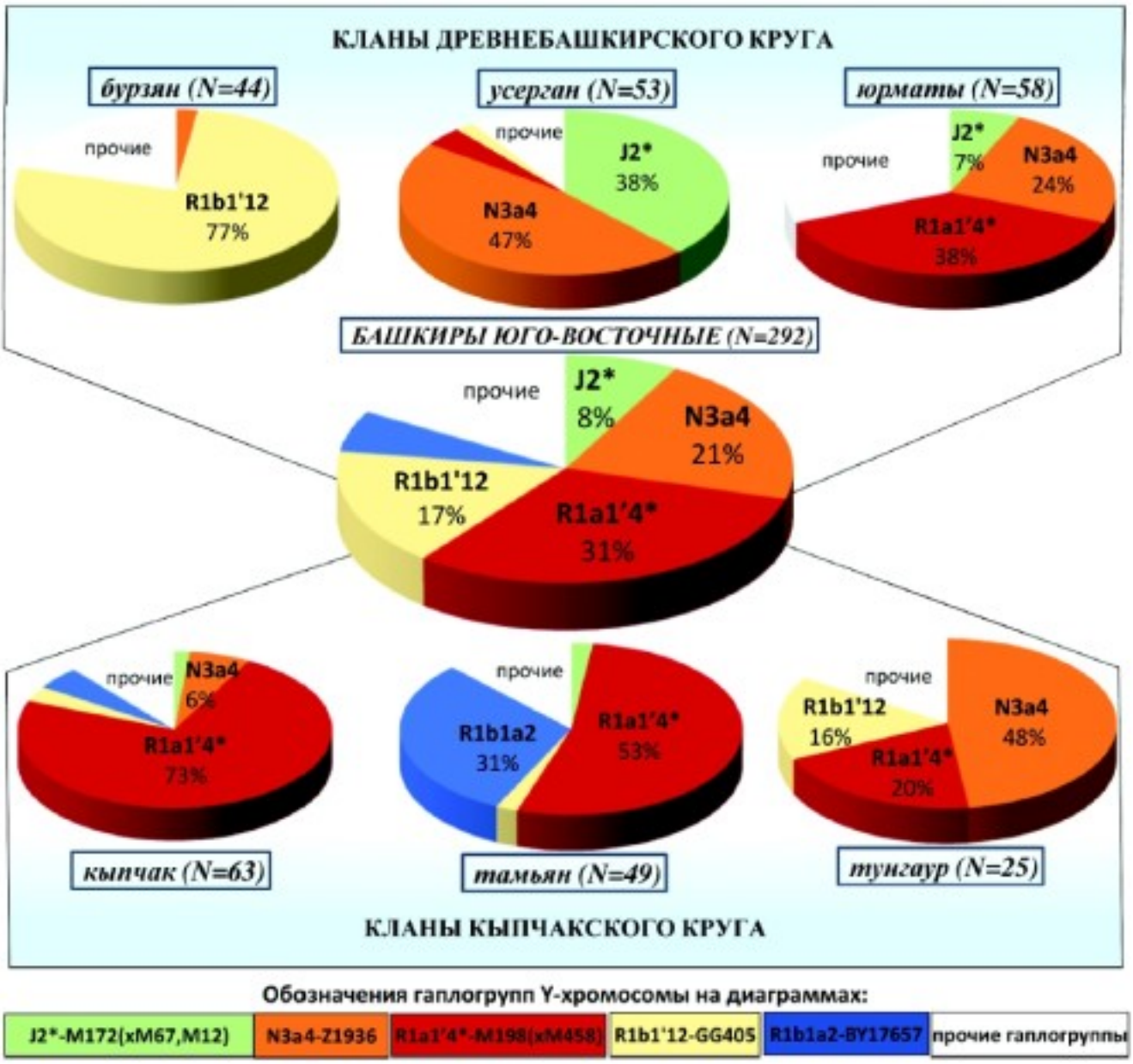
Одним из важнейших параметров социальной структуры этноса, активно используемых в популяционной генетике, но реконструируемых этнографией, является родовая структура. В сложении региональных особенностей башкирского этноса родовая структура имела решающее значение. Родовое объединение (клан) являлось структурным элементом в клановo-улусной системе башкир, которая в российский период (с XVI в.) стала основой для административной системы региона, что обеспечило сохранность башкирской родовой структуры. Синтез исследований родовой структуры и генофонда позволяет не только внести ясность в вопросы их собственного этногенеза, но и проливает новый свет на генетическую историю других народов Южного Урала и сопредельных территорий.

По данным этнографии юго-восточные башкиры сохранили те особенности искусства и технологий, которые характерны для полукочевого образа жизни и в которых отчетливо прослеживаются черты южно-сибирского и среднеазиатского происхождения. В составе юго-восточных башкир выделяются шесть родовых (клановых) объединений. Три клана — *бурзян*, *усерган* и *юрматы* – этнографы относят к кланам, участвовавшим в формировании древнебашкирской этнической общности. Другие три клана – *кыпчак, тамъян, тунгаур* – к кланам кыпчакского круга.

По 68 SNP и 17 STR маркерам Y-хромосомы проанализированы образцы венозной крови из коллекции Биобанка народонаселения Северной Евразии — 292 неродственных между собой мужчин, которые принадлежат к одному из этих шести кланов и проживают в девяти южных и юго-восточных районах Башкирии. При определении клановой принадлежности и этнической однородности поселений авторы использовали данные из ревизских сказок XIX в. Верхнеуральского и Стерлитамакского уездов Оренбургской губернии, этнографические работы и данные Всероссийской переписи 2010 г.

Генетические портреты шести кланов

В генофондах юго-восточных башкир выявлено 19 гаплогрупп. Две трети их общего генофонда составляют гаплогруппы **R1a1'4*** (31%), **N3a4** (21%) и **R1b1'12** (17%), но по кланам они распределены очень неравномерно, создавая своеобразные генетические портреты каждого клана, что четко видно на рисунке (здесь мы приводим только сокращенные имена гаплогрупп – детальные названия можно посмотреть в самой статье).



Генетические портреты шести кланов юго-восточных башкир.

Клан бурзян. В их генофонде резко доминирует гаплогруппа **R1b1** (77%), причем все ее носители принадлежат к одной субветви **R1b1'12-GG405**. Любопытно, что эта субветвь с высокой частотой встречается у лезгин (30%).

Клан усерган характеризует две мажорные гаплогруппы – «североевропейская и уральская» **N3a4** (47%) и «переднеазиатская» **J2** (38%).

Клан юрматы. Две трети генофонда составляют гаплогруппы **R1a1'4*** (38%) и **N3a4** (24%). Остальные 8 гаплогрупп относятся к «переднеазиатским» (**G2a, E1b, J1, J2**) и «западноевразийским» (**I1, I2a**).

Клан кыпчак. В генофонде клана *кыпчак* преобладает «паневразийская» гаплогруппа **R1a1'4* (**73%**),** которая обнаружена практически во всех изученных ранее этнографических группах башкир.

Клан тамъян характеризуется доминирующей гаплогруппой **R1a1'4*** (53%) и уникальной для данного региона субветвью **R1b1a2-BY17657** гаплогруппы **R1b1a2-M73** (треть генофонда).

Клан тунгаур. В их генофонде доминируют североазиатская гаплогруппа **N3a4** (48%), характерная для всего южного Приуралья, гаплогруппа **R1a1'4*** составляет пятую часть генофонда. Неожиданно высокая частота гаплогруппы **R1b1'12-** (16%) указывает на попадание в этот клан представителей соседнего клана *бурзян*.

Положение юго-восточных башкир в генетическом пространстве Северной Евразии

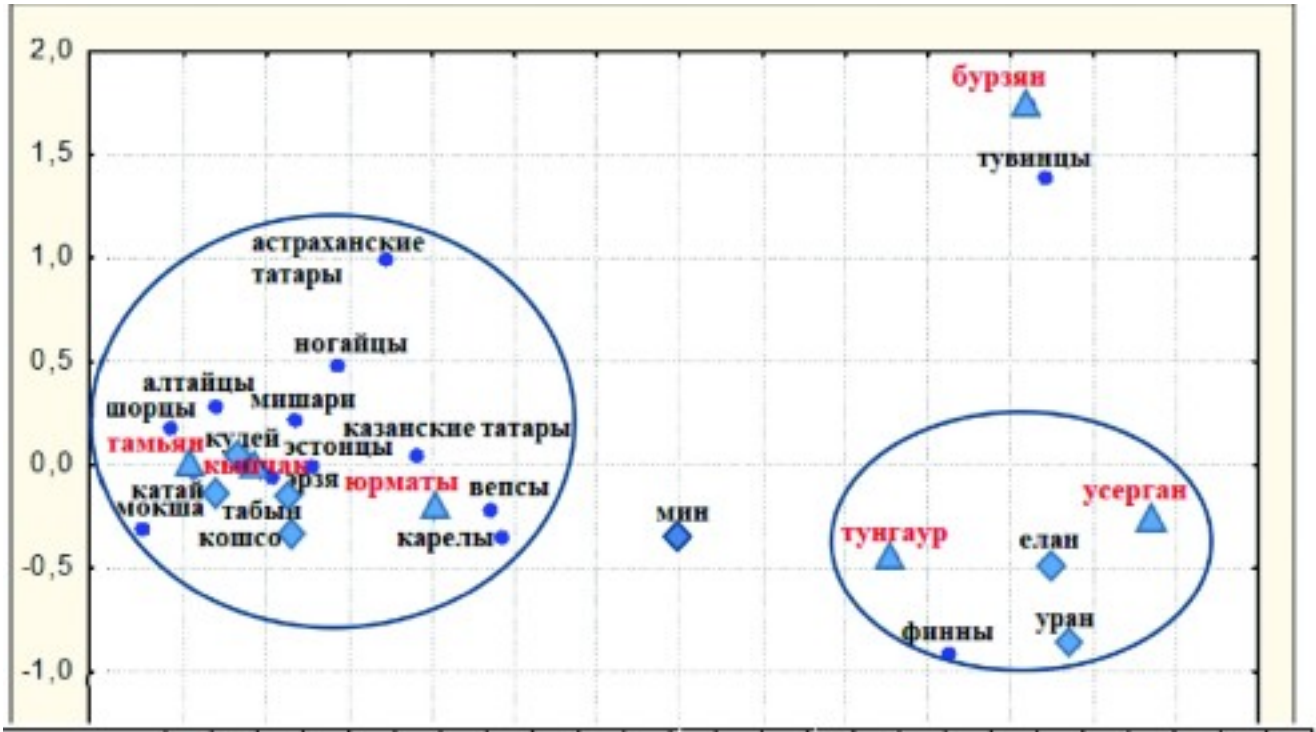
На графике многомерного шкалирования популяций Северной Евразии, построенного по всей совокупности гаплогрупп, выделись два кластера популяций.

В основной кластер вошли юго-восточные кланы башкир (*юрматы*, *тамьян, кыпчак)* вместе с северо-восточными кланами (*катай, кудей, кошсо, табын*), с финноязычными и тюркоязычными популяциями Поволжья и с западными финноязычными популяциями (эстонцы и карелы).

Во второй кластер вошли юго-восточные кланы *тунгаур* и *усерган* вместе с северо-западными кланами башкир (*елан и усерган*) и финнами.

Особое положение среди остальных кланов юго-восточных башкир занимает клан *бурзян*, не вошедший ни в один из кластеров — к нему оказались близки лишь тувинцы.

Важно, что различия между генофондами шести кланов юго-восточных башкир очень велики (среднее генетическое расстояние d=1.1), что указывает на их различную генетическую историю. Использование метода количественного анализа разнообразия AMOVA вновь подтвердило большие различия между генофондами кланов: они составили почти треть (29.5%) общей изменчивости генофонда. Полученные результаты ярко демонстрируют, что выявленные генетические кластеры намного точнее отражают реальную структуру генофонда башкир, чем традиционное этнографическое подразделение кланов на группы.



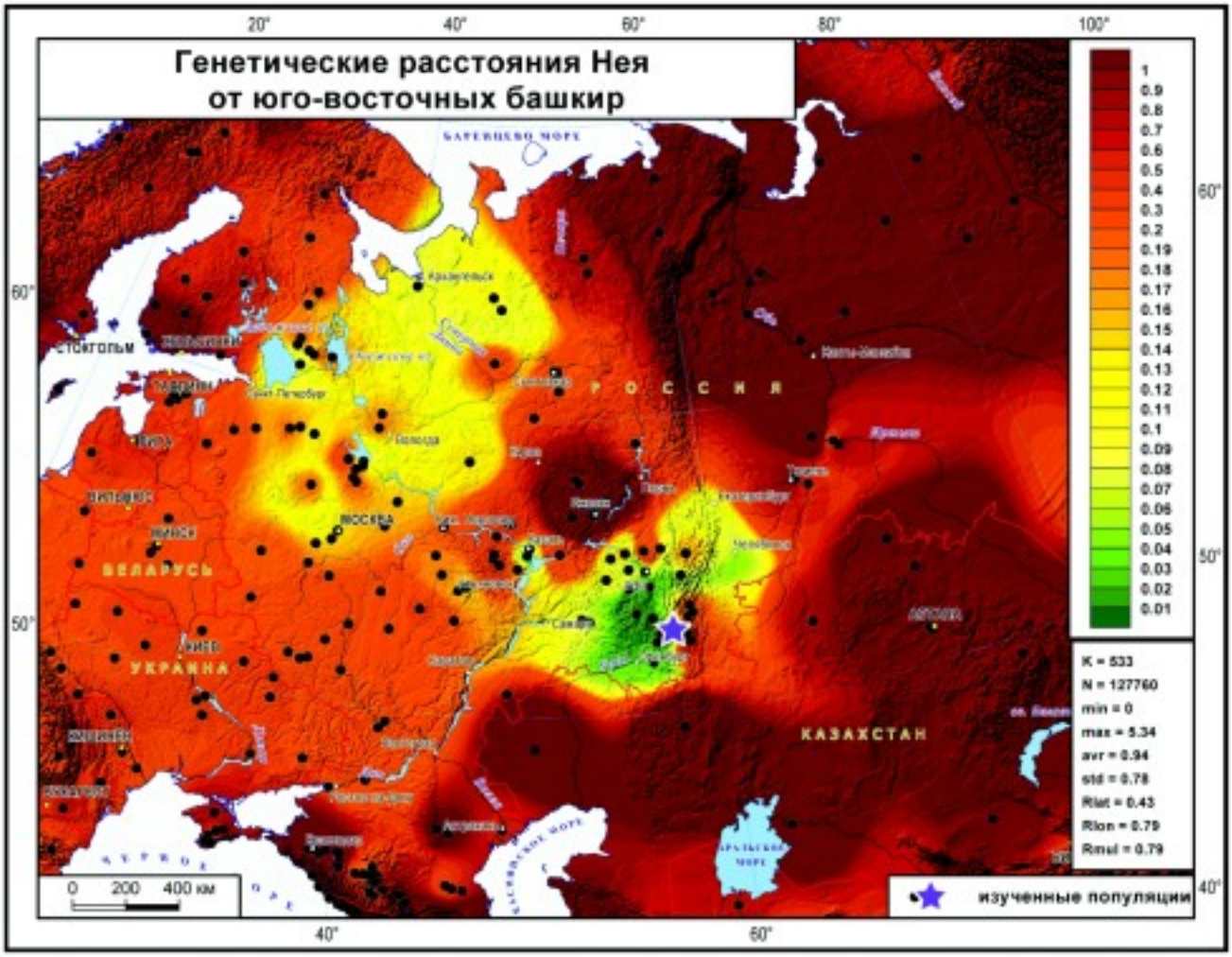
d	юрматы	казанские татары	тунгаур	карелы	вепсы	табын	кыпчак	мин	кудей	кошсо	мишари	катай	эстонцы	эрзя	алтайцы	шорцы	тамьян	мокша	бурзян	финны	елан	астрахан. татары	уран	тувинцы	усерган
юго-восточные башкиры	0.17	0.17	0.18	0.20	0.28	0.29	0.30	0.31	0.33	0.36	0.37	0.37	0.37	0.39	0.41	0.43	0.49	0.59	0.62	0.65	0.65	0.68	0.68	0.71	0.83

Положение кланов юго-восточных башкир в генетическом пространстве популяций Северной Евразии (график многомерного шкалирования) и матрица генетических расстояний (внизу) от юго-восточных башкир до других евразийских популяций.

Картографирование сходства генофондов

Карта генетических расстояний от юго-восточных башкир до других популяций демонстрирует их генетическое сходство с двумя группами популяций: Южного Приуралья (северо-восточные и юго-западные башкиры, казанские татары и мишари, мордва-эрзя) и северо-западных регионов России (карелы и вепсы, русские Архангельской, Новгородской и Костромской областей, популяция Мологи Ярославской области). Наибольшее генетическое сходство отмечено для популяций с высокой частотой гаплогруппы **N3a4**. Часть этих популяций говорит на финских языках, другие – на языках славянской или тюркской групп. Однако, как было показано в ряде предыдущих статей данного коллектива, все эти популяции сохранили в генофонде пласт дославянского и дотюркского населения. Таким образом, карта генетических расстояний отражает наиболее яркий – дотюркский – компонент генофонда юго-восточных башкир, вероятнее всего, связанного с финно-угорским миром Северной Евразии.

Менее выраженное генетическое сходство прослеживается у юго-восточных башкир с популяциями Восточной Европы в целом и связано с высокой частотой у них гаплогруппы **R1a1'4*.** Наиболее слабо выражены генетические связи башкир с Сибирью и Центральной Азией.



Карта генетических расстояний от юго-восточных башкир. Ареалы наиболее генетически близких к ним популяций показаны желто-зелеными тонами и расположены в Урало-Поволжье и на северо-западе России. Карта построена по частотам 25 гаплогрупп Y-хромосомы. Сиреневой звездой обозначена популяция юго-восточных башкир, черными точками – популяции сравнения.

Возможные источники миграций

В целом генофонды всех трех кланов древнебашкирского круга – *бурзян*, *усерган* и *юрматы* – указывают на взаимодействие кочевых групп прикаспийских и северокавказских степей с дотюркским населением Южного Урала. Высокая частота (77%) субветви **R1b1'12-GG405** у *бурзянцев* может отражать миграцию носителей этого варианта на Южный Урал с прикаспийских территорий в течение VII–X вв. в результате расширения влияния Хазарского каганата. Возможно, с этими же процессами в раннем средневековье связана миграция носителей гаплогруппы **J2,** которая обнаружена в генофондах *усерган* и *юрматы*.

Для кланов кыпчакского происхождения (*кыпчак, тамъян* и *тунгаур*) важно субтипирование гаплогруппы **R1b1**: для юго-восточных башкир оказалась характерна субветвь **R1b1a2-BY17657.** На филогенетической сети STR-гаплотипов этой субветви обнаруживается связь этих кланов башкир с алтайцами и караногайцами. Это может указывать на миграцию из лесостепной зоны Алтая на Южный Урал в составе кимако-кыпчакской миграции.

На филогенетической сети STR гаплотипов другой гаплогруппы — **N3a4 -** выделились два основных кластера. В первом кластере (с датировкой 1300±500 лет) с гаплотипами кланов *усерган*, *тунгаур* и единичных представителей *бурзян* вошли и представители юго-западных башкир. Второй кластер (1100±300 лет) включил гаплотипы клана *кыпчак* вместе с представителями финноязычных популяций. А представители клана *юрматы* вошли в различные ветви сети. Это означает, что гаплогруппа **N3a4** имеет разное происхождение в кланах юго-восточных башкир — ее можно соотнести с различными миграционными процессами.

Отметим, что отделение всех башкирских ветвей Y-хромосомы от венгерских произошло в конце первого тысячелетия до н.э. Поэтому полученные результаты могут быть подтверждением версии о генетической связи части башкир с кочевниками Южного Зауралья и Западной Сибири раннего железного века.

Этнографы выделяют два периода в истории башкир: формирование древнебашкирского этноса (IX-X вв.) и период кыпчакской миграции (XI-XV вв.). С первым периодом связывают кланы юго-восточных башкир *бурзян, усерган и юрматы,* со вторым — кланы *кыпчак, тамъян и тунгаур.* В Y-хромосомных генофондах обеих групп выделяется наиболее ранний этнический субстрат, связанный с населением финно-угорского происхождения. В то же время в генофондах древнебашкирских кланов имеется степной компонент, связанный с юго-западными территориями, что выражается в преобладании «переднеазиатских» и «западноевразийских» гаплогрупп.

Другое важное различие этих двух групп связано с уровнем их генетической гетерогенности. Древнебашкирские кланы более генетически гетерогенны: каждый имеет свой собственный генетический портрет. Генофонды кланов кыпчакского круга более гомогенны: в них преобладает гаплогруппа **R1a1’4** (56%). Количественная оценка показывает, что среднее генетическое расстояние между кланами кыпчакского круга в три раза меньше, чем между кланами древнебашкирского круга.

Выводы

Таким образом, параллельный анализ генофонда по маркерам Y-хромосомы и родовой структуры юго-восточных башкир позволил выявлять закономерности генетической истории башкир.

Древнебашкирские кланы слабо взаимодействовали с генофондами кланов кыпчакского происхождения, несмотря на большой период совместного проживания на юге исторической Башкирии. Однако кланы кыпчакского круга включили в себя значительные генетические компоненты древнебашкирских кланов, то есть потестарная организация этих кланов была ориентирована на инклюзию иноэтничного компонента. На сохранение структуры популяций влияли два основных фактора: кланово-улусная система и многоукладное хозяйство, обеспечивавшие правовую и экономическую самостоятельность башкирских кланов.

Основной генетический пласт юго-восточных башкир ассоциирован с финно-угорским населением Восточной Европы и Урала.

Центральноазиатское (монгольское) влияние на их генофонд выражено крайне слабо. Это подтверждает тезис историографии о том, что Башкирия не входила в зону кочевания ордынского населения, будучи не привлекательной для ведения кочевого хозяйства.

Источник:

Юсупов Ю.М., Схаляхо, Р.А., Агджоян А.Т., Асылгужин Р.Р., Олькова М.В., Султанова Г.Д., Жабагин М.К., Кошель С.М., Балановский О.П., Балановская Е.В. Анализ генофонда юго-восточных башкир в контексте их родовой структуры (по данным о полиморфизме Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия XXIII Антропология. 2019. №4. С.54-66. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.4.054-066

Текст статьи можно скачать в Библиотеке сайта